

**PCT**WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

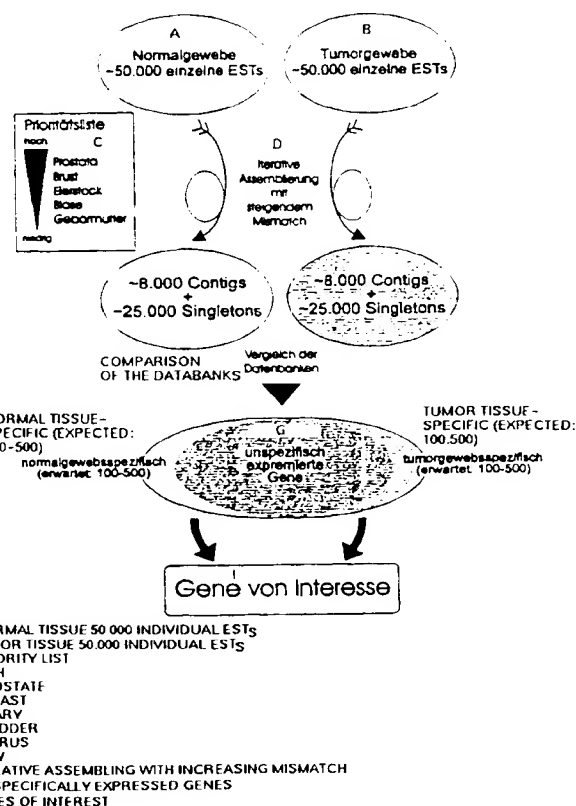
<b>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :</b>  <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17</b>	<b>A2</b>	<b>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer:</b> <b>WO 99/47669</b>  <b>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum:</b> 23. September 1999 (23.09.99)
<b>(21) Internationales Aktenzeichen:</b> PCT/DE99/00908  <b>(22) Internationales Anmeldedatum:</b> 19. März 1999 (19.03.99)  <b>(30) Prioritätsdaten:</b> 198 13 839.3      20. März 1998 (20.03.98)      DE  <b>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US):</b> META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).  <b>(72) Erfinder; und</b> <b>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US):</b> SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). IHNZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		<b>(81) Bestimmungsstaaten:</b> JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).  <b>Veröffentlicht</b> <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>

**(54) Title:** HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGeweBE**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

**(57) Zusammenfassung**

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



### LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Türkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

### Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.  
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 5    Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 10    Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das
- 15    Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- 20    Für die Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen, d.h. Genen, die als Ursache für oder als Folge von bösartigen Entartungen normalen, menschlichen Gewebes angesehen werden können, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell
- 25    angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 30    Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren
- 35    Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte
- 40
- 45
- 50

gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 gefunden werden, ~~die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.~~

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

25

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

35 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 2 bis Seq. ID No. 67 sowie Seq. ID No. 149 bis Seq. ID. 161 und Seq ID. 201 -202, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.



- 5 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.
- 10 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.
- 15 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).
- 20 Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.
- 25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 35 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.
- 40 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.
- 45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.
- Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.
- 50

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.  
Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz  
5 eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.  
10

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198.  
15

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 kodiert werden.  
20

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.  
25

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.  
30

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.  
35

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-79, 81-117, 119-121, 123, 126, 128-147, 162-168, 172, 174, 177-180, 183-185, 187, 190, 192-198 enthalten.  
40

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.  
45

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161, sowie deren Verwendung  
50

zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und  
10 Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 155-159, 160-161 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständigen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
10	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
15	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

### Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

### Erklärung der Abbildungen

35	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

### Beispiel 1

#### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brusttumorgewebe ESTs.

30

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 2 gefunden, die 9x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft ein 17-kDa-Interferon-induzierbares Gen..

Das Ergebnis ist wie folgt:

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef
	Brust	0.0053		0.0458		0.1165	8.5843
	Eierstock	0.0030		0.0338		0.0899	11.1243
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0039		0.0143		0.2714	3.6843
	Gehirn	0.0085		0.0099		0.8601	1.1626
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0074		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0037		0.0024		1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0077		1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0034		0.0120		0.2855	3.5025
	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.1066		0.0281	35.6161
	Prostata	0.0048		0.0043		1.1186	0.8939
	Uterus	0.0083		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0228					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0082					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0057					
55	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

## 2.1.2.

65 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 5 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft „macrophage migration inhibition factor related protein 14(MRP-14)“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

5

### ~~Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 5~~

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
10	Blase	0.0093	0.1508	0.0616	16.2223
	Brust	0.0013	0.0392	0.0340	29.4320
	Eierstock	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
15	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0051	0.0055	0.9289	1.0765
	Haematopoetisch	0.0993	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
20	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0261	0.0307	0.8508	1.1753
	Magen-Speiserohre	0.1062	0.0230	4.6197	0.2165
25	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9517	1.0508
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.1258	0.1600	0.7862	1.2720
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0826	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.1018			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0037
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0449
65	Sinnesorgane	0.0000



## 2.1.3.

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 16 gefunden, die 30x stärker im Brusttumorgewebe als im normalen Gewebe vorkommt.

5

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft menschliches Tim23, welches im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert ist. Das Ergebnis ist wie folgt:

## 10 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0153	0.0874	11.4458
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
20	Gehirn	0.0076	0.0055	1.3934	0.7177
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0100	0.0000	undef	0.0000
25	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0024	4.2137	0.2373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
30	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
35	Duennndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
45	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Vergleichenisse	
		%Häufigkeit	%Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0256	0.3637	2.7495
	Brust	0.0133	0.0283	0.4704	2.1256
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
10	Endokrines Gewebe	0.0274	0.0490	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0116	0.0095	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0212	0.0164	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0259	0.5739	1.7426
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0162	0.0165	0.9782	1.0223
	Magen-Speiseröhre	0.0290	0.0153	1.8899	0.5291
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5710	1.7513
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
25	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0234	0.9152	1.0926
	Uterus	0.0182	0.0214	0.8510	1.1751
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Dünndarm	0.0218			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkörperchen	0.0218			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefäße	0.0123			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0183			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
55	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6790
10	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0076	0.0033	2.3223	0.4306
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0129	0.7651	1.3069
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0050	0.0142	0.3511	2.8478
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0167	0.0128	1.3051	0.7662
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennaarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
55	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
60	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0186		0.0051		3.6370	0.2750
	Brust	0.0147		0.0261		0.5606	1.7838
	Eierstock	0.0182		0.0234		0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0456		0.0245		1.8605	0.5375
10	Gastrointestinal	0.0233		0.0190		1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0314		0.0230		1.3639	0.7332
	Haematopoetisch	0.0196		0.0378		0.5175	1.9325
	Haut	0.0199		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050		0.0388		0.1275	7.8416
15	Herz	0.0328		0.0275		1.1947	0.8371
	Hoden	0.0183		0.0351		0.5224	1.9144
	Lunge	0.0149		0.0284		0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0460		0.4200	2.3811
20	Muskel-Skelett	0.0223		0.0480		0.4639	2.1554
	Niere	0.0208		0.0205		1.0130	0.9871
	Pankreas	0.0246		0.0055		4.4569	0.2244
	Penis	0.0449		0.0267		1.6846	0.5936
	Prostata	0.0167		0.0383		0.4350	2.2987
	Uterus	0.0231		0.0214		1.0831	0.9233
25	Brust-Hyperplasie	0.0109					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0357					
	Samenblase	0.0356					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165					
FOETUS							
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0307					
	Gastrointestinal	0.0247					
	Gehirn	0.0375					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Herz-Blutgeraesae	0.0204					
40	Lunge	0.0296					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0279					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
		%Haeufigkeit					
45	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0093					
50	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0082					
55	Nerven	0.0100					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0155					
60							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL	TUMOR	Vernhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	0.0129	0.0281	0.4958 2.0163
	Brust 0.0080	0.0414	0.1931 5.1778
	Eierstock 0.0122	0.0260	0.4674 2.1393
10	Endokrines_Gewebe 0.0274	0.0354	0.7728 1.2940
	Gastrointestinal 0.0252	0.0333	0.7561 1.3226
	Gehirn 0.0237	0.0175	1.3547 0.7382
	Haematopoetisch 0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0149	0.1693	0.0881 11.3508
15	Hepatisch 0.0149	0.0129	1.1477 0.8713
	Herz 0.0381	0.0412	0.9249 1.0812
	Hoden 0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0174	0.0615	0.2836 3.5259
20	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0383	0.2520 3.9685
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0180	0.9517 1.0508
	Niere 0.0208	0.0548	0.3799 2.6323
	Pankreas 0.0284	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0180	0.1066	0.1685 5.9360
	Prostata 0.0119	0.0213	0.5593 1.7879
25	Uterus 0.0116	0.0285	0.4061 2.4622
	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duennndarm 0.0374		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0356		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0113		
	FOETUS		
35	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0307		
	Gastrointestinal 0.0216		
	Gehirn 0.0188		
	Haematopoetisch 0.0079		
40	Herz-Blutgefuesse 0.0245		
	Lunge 0.0259		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0748		
45	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
50	Eierstock-Uterus 0.0205		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0233		
	Gastrointestinal 0.0366		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0615		
	Hoden 0.0078		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0181		
	Prostata 0.0192		
60	Sinnesorgane 0.0387		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0128		0.3637	2.7495
	Brust	0.0053		0.0218		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0122		0.0026		4.6745	0.2139
	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0109		0.3349	2.9861
10	Gastrointestinal	0.0213		0.0048		4.4784	0.2233
	Gehirn	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0348		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0297		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0064		0.0137		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0324		0.0189		1.7118	0.5842
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0357		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0208		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0214		0.0085		2.5169	0.3973
	Uterus	0.0050		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0145					
	Duennndarm	0.0031					
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041					
	Lunge	0.0148					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0130					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0256					
60	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust	0.0133	0.0414	0.3219	3.1067
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
10	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0093	0.0153	0.6082	1.6441
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	hepatisch	0.0050	0.0129	0.3826	2.6139
15	Herz	0.0085	0.0137	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0237	0.0213	1.1120	0.8993
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5710	1.7513
20	Niere	0.0030	0.0479	0.0620	16.1231
	Pankreas	0.0038	0.0221	0.1714	5.8337
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0071	0.0085	0.8390	1.1919
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0162			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0331			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0656			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0387			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0160	0.0545	0.2936	3.4065
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0082	1.1163	0.8958
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9744
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0106	0.4475	2.2349
25	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0218			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0186	0.0128	1.4548	0.6874
	Brust	0.0083	0.0283	0.3883	2.6366
	Eierstock	0.0122	0.0026	4.6745	0.2139
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0136	1.7414	0.5742
	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0068	0.0120	0.5630	1.7762
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0307	0.0275	1.1176	0.8948
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0125	0.0047	2.6336	0.3797
	Magen-Speiseroenre	0.0290	0.0230	1.2599	0.7937
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0166	0.2286	4.3753
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0214	0.0341	0.6292	1.5892
25	Uterus	0.0446	0.0142	3.1331	0.3192
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0308			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0370			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
50	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0285			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0155			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0102	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3590
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0381	0.1435	6.9675
	Gastrointestinal	0.0058	0.0143	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0076	0.0066	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0100	0.0165	0.6020	1.6612
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennaarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
FOETUS					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Herz-Blutgeraesse	0.0123			
	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
45		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0312			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			
65					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0040	0.0240	0.1668	5.9954
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2337	4.2786
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0271	0.0095	2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0448	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0869	0.0230	3.7798	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9680
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0116	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0027	0.0196	0.1359	7.3580
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1461	6.8457
10	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0109	1.6745	0.5972
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0051	0.0099	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406	0.3184
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0191	0.0106	1.7898	0.5587
	Uterus	0.0116	0.0071	1.6246	0.6155
30	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0062			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Herz-Blutgefasse	0.0245			
	Lunge	0.0074			
50	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0456			
65	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0763	0.1573	6.3588
	Eierstock	0.0608	0.0234	2.5969	0.3851
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0245	0.2977	3.3593
10	Gastrointestinal	0.0872	0.1000	0.8724	1.1462
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0149	0.0388	0.3826	2.6139
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0355	0.1405	7.1196
20	Magen-Speiseroenre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
25	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0119	0.0958	0.1243	8.0455
	Uterus	0.0017	0.0214	0.0774	12.9263
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duennndarm	0.0436			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40					
45					
50					
55					
60					

FOETUS  
%HaeufigkeitNORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0240		0.1668	5.9954
	<del>Eierstock</del>	<del>0.0162</del>		<del>0.0076</del>		<del>2.3372</del>	<del>0.4279</del>
10	Endokrines_Gewebe	0.0164		0.0245		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0213		0.0190		1.1196	0.8932
	Gehirn	0.0144		0.0186		0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0248		0.0065		3.8257	0.2614
	Herz	0.0138		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0428		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0199		0.0165		1.2039	0.8306
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0230		0.4200	2.3811
20	Muskel-Skelett	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0119		0.0192		0.6215	1.6091
25	Uterus	0.0132		0.0142		0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0254					
	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0238					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0062					
	Gehirn	0.0125					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0111					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0140					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0058					
	Gastrointestinal	0.0488					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0065					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0385					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef		
	Brust	0.0067	0.0261	0.2548	3.9243		
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000		
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281		
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918		
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000		
	hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef		
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3083	3.2436		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329		
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000		
20	Niere	0.0030	0.0137	0.2171	4.6066		
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef		
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000		
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000		
25	Brust-Hyperplasie	0.0073					
	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0051					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0066					
	Eierstock-Uterus	0.0046					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0226					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0083	0.0218	0.4881	0.3368
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0033	1.8062	0.5536
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0138	0.0137	1.0020	0.9980
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0112	0.0024	4.7404	0.2110
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1800	5.5559
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
25	Pankreas	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0143	0.0043	3.3559	0.2980
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
30	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Brust	0.0040		0.0131		0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0109		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0136		0.0048		2.8499	0.3509
	Gehirn	0.0059		0.0099		0.6021	1.6609
	Haematopoetisch	0.0056		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0597		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0064		0.0137		0.4624	2.1624
	Hoden	0.0000		0.0351		0.0000	undef
	Lunge	0.0012		0.0095		0.1317	7.5943
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0230		0.8399	1.1905
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0060		1.1420	0.8756
	Niere	0.0059		0.0068		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0143		0.0213		0.6712	1.4899
	Uterus	0.0066		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duenn darm	0.0093					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0245					
	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0297					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0222					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0077					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

5		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		*Häufigkeit	*Häufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0027	0.0174	0.1528	6.5404
	Eierstock	0.0152	0.0234	0.6492	1.5403
	Endokrines Gewebe	0.0146	0.0327	0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0291	0.0095	3.0535	0.3275
	Gehirn	0.0203	0.0252	0.8078	1.2380
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0137	0.0118	1.1588	0.8630
15	Magen-Speiseröhre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261	0.2919
	Niere	0.0327	0.0411	0.7960	1.2563
	Pankreas	0.0114	0.0221	0.5143	1.9446
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
20	Prostata	0.0286	0.0234	1.2203	0.8195
	Uterus	0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duendarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
25	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkörperchen	0.0122			
30		FOETUS			
		*Häufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0313			
35	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefäße	0.0368			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		*Häufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0228			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0035			
50	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
55	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	y				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0131	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0102	0.0077	1.3270	0.7536
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428	7.0051
20	Niere	0.0059	0.0068	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9040
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0067	0.0131	0.5038	1.9821
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0175	0.2419	4.1338
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0064	0.0412	0.1541	6.4872
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0051
	Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0095	0.0021	4.4745	0.2235
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321	4.3088
30	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0197			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0185			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0558			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0102		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030		0.0052		0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe	0.0036		0.0082		0.4465	2.2395
10	Gastrointestinal	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0025		0.0307		0.0829	12.0569
	Haematopoetisch	0.0140		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0000		0.0205		0.0000	undef
	Pankreas	0.0038		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0071		0.0043		1.6779	0.5960
	Uterus	0.0033		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0062					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0226					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0197					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0204					
	Eierstock-Uterus	0.0023					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
55	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0030					
	Prostata	0.0128					
60	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0186	0.0153	1.2123	0.8249
	Brust	0.0133	0.0436	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0182	0.0130	1.4023	0.7131
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0191	0.3827	2.6128
	Gastrointestinal	0.0194	0.0095	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0237	0.0449	0.5287	1.8916
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0254	0.0550	0.4624	2.1624
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0224	0.0165	1.3544	0.7383
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4758	2.1015
	Niere	0.0208	0.0205	1.0130	0.9871
25	Pankreas	0.0114	0.0387	0.2939	3.4030
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0214	0.0128	1.6779	0.5960
	Uterus	0.0066	0.0142	0.4642	2.1544
30	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
35	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0305			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.1537			
	Gastrointestinal	0.0401			
45	Gehirn	0.1126			
	Haematopoetisch	0.0472			
	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0481			
50	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.1954			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
	Eierstock-Uterus	0.0320			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0636			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.1328			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0026		1.8185	0.5499
	Brust	0.0027		0.0109		0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0000		0.0078		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0054		0.3349	2.9861
10	Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0263		0.0110		2.3997	0.4167
	Haematopoetisch	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0050		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0064		0.0275		0.2312	4.3248
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0112		0.0047		2.3702	0.4219
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051		0.0060		0.8565	1.1675
	Niere	0.0089		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0048		0.0064		0.7458	1.3409
25	Uterus	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044					
		FOETUS		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0079					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0136					
	Eierstock-Uterus	0.0091					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0047					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0246					
	Nerven	0.0231					
	Prostata	0.0064					
60	Sinnesorgane	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

5		NORMAL	TUMOR	Vernaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0139	0.0230	0.6062	1.6497
	Brust	0.0012	0.0121	0.1010	0.0107
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
10	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642	0.2729
	Gehirn	0.0085	0.0142	0.5955	1.6794
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0224	0.0260	0.8619	1.1602
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
20	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0191	0.0255	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0132	0.0071	1.8567	0.5386
25	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0183			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock-Uterus	0.0091			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0114			
55	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0155			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628	0.6399
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0176	0.9825
	Gehirn	0.0068	0.0066	1.0321	0.9689
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0095	0.3950	2.5314
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0068	2.1708	0.4607
	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
25	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2311	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Duenn darm	0.0115			
	Prostata-Hyperplasie	0.0359			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
40					
45					
50					
55					
60					

FOETUS  
#Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154
Gastrointestinal	0.0062
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefasse	0.0041
Lunge	0.0074
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
#Haeufigkeit

Brust	0.0068
Eierstock-Uterus	0.0091
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0111
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0453
Hoden	0.0078
Lunge	0.0000
Nerven	0.0100
Prostata	0.0128
Sinnesorgane	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0102	0.4546	2.1996
	Brust	0.0000	0.0218	0.0000	undef
	Eierstock	0.0122	0.0442	0.2750	3.6368
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0136	0.0190	0.7125	1.4035
10	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106	9.0427
	Haematopoetisch	0.0322	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0535	0.0473	1.1324	0.8831
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0767	0.8819	1.1339
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
20	Pankreas	0.0114	0.0055	2.0570	0.4861
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0071	0.0128	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0249			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.1140			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0067	0.0131	0.0000	1.9021
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennaarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0053	0.0283	0.1882	5.3141
10	Eierstock	0.0122	0.0130	0.9349	1.0696
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0300	1.1569	0.8644
	Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0153	0.0131	1.1612	0.8612
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0127	0.0137	0.9249	1.0812
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0212	0.0165	1.2792	0.7818
20	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662	1.5011
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0133	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8081
25	Prostata	0.0167	0.0064	2.6101	0.3831
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0235			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
45	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0204			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0256			
	Sinnesorgane	0.0542			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		*Häufigkeit	*Häufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0027	0.0174	0.1529	6.5404
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0082	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0087	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseröhre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
25	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Dünndarm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
FOETUS					
*Häufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäße	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
*Häufigkeit					
45	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
50	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
55	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0218	0.1835	5.4504
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0058	0.0095	0.6107	1.6375
10	Gehirn	0.0000	0.0033	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0021	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
30					

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0031
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
40	Lunge	0.0000
	Niere	0.0185
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
50	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
55	Prostata	0.0128
	Sinnesorgane	0.0000
60		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0052	0.0100	0.4000	2.0199
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0146			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0013		0.0109		0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gehirn	0.0008		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0024		0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Niere	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0267		0.0000	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus	0.0017		0.0000		undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Duennndarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0118					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock-Uterus	0.0000					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	<del>Brust</del>	<del>0.0000</del>	<del>0.0000</del>	<del>0.0000</del>	<del>11.4158</del>
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
50		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0093	0.0196	0.4757	2.1023
	Eierstock	0.0122	0.0078	1.5582	0.6418
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0131	0.8386	1.1924
	Haematopoetisch	0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0133	0.0055	2.3999	0.4167
25	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0066	0.0071	0.9283	1.0772
	Brust-Hyperplasie	0.0109			
30	Duennaarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
40					
45					
50					
55					
60					

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0154
Gastrointestinal	0.0092
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0082
Lunge	0.0296
Niere	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock-Uterus	0.0046
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0210
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0131
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust	0.0022	0.0152	0.1743	0.7889
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn	0.0076	0.0099	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
15	Herz	0.0053	0.0550	0.0963	10.3795
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7798	0.2646
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025	0.7678
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0247			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0131	0.1019 9.8107
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843 1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0068	0.0055	1.2386 0.8074
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0084	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0085	0.0000 undef
	Uterus 0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Brust-Hyperplasie 0.0012		
	Duenn darm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0014		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0154		
	Gastrointestinal 0.0031		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefuesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45			
	NOEMLIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
60	Sinnesorgane 0.0000		

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0196	0.2718	3.6780
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686	0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0097	0.0143	0.6786	1.4737
	Gehirn	0.0059	0.0022	2.7094	0.3691
	Haematopoetisch	0.0042	0.0378	0.1109	9.0183
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0122	0.0234	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0012	0.0071	0.1756	5.6957
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3350
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0050	0.0071	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duendarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0164			
	Lunge	0.0148			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0137			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0187			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0321			
60	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0040	0.0153	0.2621	3.8153
	Eierstock	0.0091	0.0286	0.3187	3.1376
	Endokrines_Gewebe	0.0182	0.0327	0.5582	1.7916
	Gastrointestinal	0.0155	0.0095	1.6285	0.6141
10	Gehirn	0.0127	0.0099	1.2902	0.7751
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0265	0.0275	0.9634	1.0380
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0149	0.0260	0.5746	1.7403
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2599	0.7937
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7130	0.5838
	Niere	0.0208	0.0342	0.6078	1.6452
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237	4.4697
	Uterus	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
25	Duenn darm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0236			
	Herz-Blutgefuesse	0.0286			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0210			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0155			
60					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	<del>Blase</del>	<del>0.0000</del>	<del>0.0000</del>	<del>0.2059</del>	<del>4.9053</del>
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0022	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0047	0.2634	3.7971
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0053		0.0153		0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0213		0.0234		0.9089	1.1002
	Endokrines Gewebe	0.0182		0.0518		0.3525	2.8368
10	Gastrointestinal	0.0078		0.0048		1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0136		0.0120		1.1260	0.8881
	Haematopoetisch	0.0098		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hepatisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef
15	Herz	0.0095		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0428		0.0117		3.6565	0.2735
	Lunge	0.0137		0.0142		0.9656	1.0356
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0600		0.0286	35.0255
20	Niere	0.0178		0.0479		0.3721	2.6872
	Pankreas	0.0170		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0383		0.1864	5.3637
	Uterus	0.0066		0.0071		0.9283	1.0772
25	Brust-Hyperplasie	0.0218					
	Duendarm	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0208					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0353					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0218					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0154					
	Gastrointestinal	0.0123					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Herz-Blutgefuesse	0.0164					
40	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0185					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.0140					
45							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
50	Eierstock-Uterus	0.0434					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0210					
	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0972					
	Hoden	0.0468					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0151					
	Prostata	0.0321					
60	Sinnesorgane	0.0310					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0232	0.0256	0.9092	1.0998
	Brust	0.0053	0.0131	0.4037	2.4639
	Eierstock	0.0061	0.0078	0.7791	1.2836
10	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0042	0.0131	0.3225	3.1004
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0125	0.0118	1.0534	0.9493
	Magen-Speiserohre	0.0386	0.0153	2.5198	0.3968
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0038	0.0110	0.3428	2.9168
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9360
	Prostata	0.0119	0.0170	0.6991	1.4303
25	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
FOETUS					
35		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0062			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0236			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0205			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
55	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust	0.0053	0.0153	0.3495	2.8614
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0039	0.0143	0.2714	3.6843
10	Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1903	5.2538
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342	2.3033
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
25	Duendarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
60	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0000	0.0000	0.3558	0.7358
	Eierstock	0.0122	0.0182	0.6678	1.4975
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0191	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0286	0.3393	2.9474
	Gehirn	0.0059	0.0110	0.5419	1.8454
	Haematopoetisch	0.0280	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0121	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0100	0.0071	1.4046	0.7120
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0149	0.0137	1.0854	0.9213
	Pankreas	0.0133	0.0442	0.3000	3.3335
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0128	0.7458	1.3409
	Uterus	0.0264	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duennndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0123			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Herz-Blutgefaessee	0.0000			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0309			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0274			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0228			
55	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0077			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0051		0.9092	1.0998
	Brust	0.0067		0.0153		0.4368	2.2892
10	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0091		0.0136		0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0136		0.0143		0.9500	1.0527
	Gehirn	0.0144		0.0088		1.6450	0.6079
	Haematopoetisch	0.0070		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0099		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0042		0.0137		0.3083	3.2436
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0095		0.6584	1.5189
20	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0997		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017		0.0180		0.0952	10.5076
	Niere	0.0119		0.0137		0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0095		0.0110		0.8571	1.1667
	Penis	0.0150		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0071		0.0128		0.5593	1.7879
25	Uterus	0.0099		0.0071		1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0036					
	Duenn darm	0.0218					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
30	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0031					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0157					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0068					
	Eierstock-Uterus	0.0068					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0029					
55	Gastrointestinal	0.0366					
	Haematopoetisch	0.0171					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0078					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0080					
60	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0077					





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0027	0.0109	0.2446	4.0878
	Eierstock	0.0091	0.0026	3.5059	0.2852
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0054	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0044	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0057	0.0110	0.5143	1.9446
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL #Haeufigkeit	TUMOR #Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0013	0.0109	0.1223	8.1755
	Eierstock	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0095	0.4071	2.4562
	Gehirn	0.0025	0.0066	0.3871	2.5836
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0234	0.2612	3.8288
	Lunge	0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
25	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
30	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
40					
45					
50					
55					
60					

FOETUS  
#Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0082
Lunge	0.0037
Niere	0.0125
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
#Haeufigkeit

Brust	0.0066
Eierstock-Uterus	0.0160
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0064
Sinnesorgane	0.0155

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0100	0.1222	0.1755
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0245	0.3721	2.6874
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0050	0.0024	2.1069	0.4746
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
25	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenn darm	0.0031			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	<del>Brust</del>	<del>0.0000</del>	<del>0.0109</del>	<del>0.0000</del>	<del>undef</del>
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1686	0.8557
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0027	0.6698	1.4930
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0044	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
25	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duendarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0069			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0082			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0046		0.0665		0.0699	14.2976
	Brust	0.0080		0.0436		0.1835	5.4504
	Eierstock	0.0061		0.0234		0.2597	3.8507
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0213		0.0571		0.3732	2.6795
10	Gehirn	0.0008		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0028		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lebentisch	0.0000		0.0194		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0067		0.0142		0.6145	1.6273
	Magen-Speiserdenre	0.0290		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0119		0.0205		0.5789	1.7275
20	Pankreas	0.0133		0.0276		0.4800	2.0835
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0119		0.0106		1.1186	0.8939
	Uterus	0.0033		0.0071		0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0073					
25	Darmtrakt	0.0342					
	Prostata-Hyperplasie	0.0206					
	Samenblase	0.0178					
	Sinnesorgane	0.0353					
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
35	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0092					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0037					
	Niere	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0476					
	Eierstock-Uterus	0.0274					
50	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
55	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0064					
	Sinnesorgane	0.0000					
60							

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0033	0.0174	0.3058	3.2702
	Eierstock	0.0061	0.0026	2.3372	0.4279
	Endokrines_Gewebe	0.0073	0.0027	2.6791	0.3733
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0048	2.0357	0.4912
	Gehirn	0.0059	0.0055	1.0837	0.9227
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0087	0.0071	1.2290	0.8137
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0120	0.0267	0.4492	2.2260
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus	0.0099	0.0142	0.6963	1.4363
25	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duennndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0154			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefuesse	0.0041			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
60	Sinnesorgane	0.0000			





## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust 0.0013	0.0044	0.3058	3.2702
	Eierstock 0.0000	0.0032	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0109	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn 0.0068	0.0055	1.2386	0.8074
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0786	0.0554	1.4198	0.7043
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
25	Duendarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.1011			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
40	Lunge 0.0037			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0082			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0057			
	Haut-Muskel 0.0065			
55	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0136	0.3679	2.7181
	Blase	0.0078	0.0258	0.3017	3.3143
	Brust	0.0114	0.0225	0.5088	1.9654
	Dickdarm	0.0115	0.0085	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0192	0.0107	1.8036	0.5545
10	Eierstock	0.0089	0.0095	0.9333	1.0715
	Endokrines_Gewebe	0.0209	0.0337	0.6195	1.6143
	Gehirn	0.0203	0.0170	1.1947	0.8371
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0186	0.0254	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0183	0.0137	1.3291	0.7524
	Hoden	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0146	0.0166	0.8770	1.1402
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0128	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0074	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4570
	Prostata	0.0217	0.0169	1.2801	0.7812
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0230	0.7068	1.4148
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0267	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

## %Haeufigkeit

50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
60	Hoden_n	0.0042
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0090
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0203
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 150

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0117	0.6638	1.5065
	Brust	0.0088	0.0155	0.5692	1.7566
10	Dickdarm	0.0211	0.0028	7.4006	0.1351
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0119	0.0024	4.9773	0.2009
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0142	0.2263	4.4181
	Gehirn	0.0035	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0279	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0292	0.0148	1.9733	0.5068
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata	0.0141	0.0052	2.7132	0.3686
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
55		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0244			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
70	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
75	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0070	0.0098	0.7157	1.3973
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0082	0.0107	0.7730	1.2937
10	Eierstock	0.0030	0.0119	0.2489	4.0182
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0071	0.6790	1.4727
	Gehirn	0.0104	0.0120	0.8704	1.1489
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0010	0.0137	0.0738	13.5431
	Hoden	0.0000	0.0118	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0055	0.1754	5.7011
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0148	0.5799	1.7246
20	Niere	0.0112	0.0193	0.5803	1.7232
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000	undef
	Uterus	0.0015	0.0092	0.1606	6.2251
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 152

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0136	1.8395	0.5436
	Blase	0.0078	0.0070	1.1063	0.9039
	Brust	0.0097	0.0211	0.4592	2.1726
	Dickdarm	0.0192	0.0057	3.3639	0.2973
	Duenn darm	0.0055	0.0213	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0178	0.0143	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0048	0.0177	0.2716	3.6818
	Gehirn	0.0191	0.0269	0.7092	1.4100
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0233	0.0275	0.8491	1.1777
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0129	1.2028	0.8314
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0192	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0074	1.1597	0.8623
20	Niere	0.0090	0.0096	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0083	0.0387	0.2137	4.6798
	Prostata	0.0057	0.0091	0.6202	1.6125
	T_Lymphom	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0246	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1253			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0938			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.1255			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0816			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0741			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.1458			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0191			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	E_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0141	0.1879	5.3230
	Dickdarm	0.0000	0.0057	0.0000	undef
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0009	0.0013	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 154

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0029	0.0060	0.4835	2.0680
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0097	0.0074	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0112	0.0048	2.3212	0.4308
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0075	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0235			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			



## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0035	0.0197	0.1789	5.5892
	Dickdarm	0.0096	0.0085	1.1213	0.8918
	Duenn darm	0.0110	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0124	0.6467	1.5464
	Gehirn	0.0058	0.0010	5.8026	0.1723
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0201	0.0118	1.6964	0.5895
	Lunge	0.0010	0.0074	0.1316	7.6015
	Magen-Speiserohre	0.0217	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0074	0.6958	1.4371
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0304	0.1578	6.3369
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0134			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0185			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0141			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 156

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4607	2.1200
	Dickdarm	0.0038	0.0000	undef	0.0000
10	Duenn darm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0048	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0030	0.5803	1.7234
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0051	0.0137	0.3692	2.7086
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0049	0.0129	0.3759	2.6605
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6855
	Prostata	0.0000	0.0013	0.0000	undef
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0148	0.0046	3.2128	0.3113
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
40	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
65	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0135			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0136	0.7358	1.3590
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0106	0.0141	0.7515	1.3308
	Dickdarm	0.0057	0.0114	0.5046	1.9818
	Duendarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0215	0.9678	1.0333
	Endokrines_Gewebe	0.0193	0.0408	0.4724	2.1170
	Gehirn	0.0087	0.0110	0.7913	1.2638
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0361	0.0118	3.0535	0.3275
	Lunge	0.0117	0.0185	0.6315	1.5836
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0369	0.0464	21.5570
	Niere	0.0201	0.0337	0.5969	1.6754
	Pankreas	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0132	0.0247	0.5331	1.8758
	T_Lymphom	0.0177	0.0299	0.5917	1.6900
25	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
35	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgeraesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0209			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden_n	0.0251			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0450			
	Prostata_n	0.0303			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 158

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0070	2.2127	0.4519
	Brust	0.0088	0.0155	0.5603	1.7500
	Dickdarm	0.0077	0.0057	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0082	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0041	0.0209	0.1934	5.1701
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
15	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0120	0.0118	1.0178	0.9825
	Lunge	0.0146	0.0055	2.6311	0.3801
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0148	0.3479	2.8743
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0047	0.0065	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus	0.0163	0.0276	0.5890	1.6977
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0107			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0257			
60	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 159

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0407	0.1226	8.1542
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0097	0.0098	0.9840	1.0162
	Dickdarm	0.0077	0.0171	0.4485	2.2295
	Duennndarm	0.0055	0.0107	0.5153	1.9406
10	Eierstock	0.0089	0.0072	1.2443	0.8036
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0075	0.0090	0.8382	1.1931
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0080	0.0059	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0068	0.0055	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0066	0.0013	5.0646	0.1974
	T_Lymphom	0.0101	0.0075	1.3525	0.7394
	Uterus	0.0044	0.0230	0.1928	5.1876
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden_n	0.0209			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0774			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 160

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0078	0.0023	3.3190	0.3013
	Brust	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	Dickdarm	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0030	0.0048	0.6222	1.6073
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0018	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0041	0.0040	1.0155	0.9848
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0186	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0037	0.4639	2.1557
	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
25	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
55	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
60	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

## Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 161

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0047	1.6595	0.6026
	Brust	0.0009	0.0084	0.1044	9.5814
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Duenn darm	0.0000	0.0107	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0106	0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0058	0.0050	1.1605	0.8617
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Herz	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
20	Lunge	0.0039	0.0018	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0022	0.0048	0.4642	2.1540
25	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8975	1.1142
	Prostata	0.0848	0.0651	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0076	0.0075	1.0143	0.9859
	Uterus	0.0059	0.0046	1.2851	0.7781
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0041	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
35	Sinnesorgane	0.0000			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0104			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
70	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Niere_t	0.0000			
75	Ovar_Uterus	0.0000			
	Prostata_n	0.0546			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			







## 2.2 Fisher-Test

5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### 15 Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

35 Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

40 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

45 Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe gefunden werden.

50 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen

Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der  
5 vorliegenden Erfindung.

#### Beispiel 4

##### Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

10 Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die  
15 Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert ([http://www.stanford.edu/RH/rhserver\\_form2.html](http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html)). Dieses  
20 Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "MapView" - Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch  
25 verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei  
30 eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).  
35

##### 40 Beispiel 5: Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klonen)

Die den differentiellen cDNAs entsprechenden genomischen Sequenzen wurden aus kommerziellen BAC-Bibliotheken isoliert. Verwendet wurden BAC-Bibliotheken von der  
45 Firma Genome Systems, St. Louis MO, die aus humanen Lymphozyten hergestellt wurden (<http://www.genomesystems.com>) und solche der Firma Research Genetics, die wie folgt beschrieben wurden: Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797; <http://www.tree.caltech.edu/>. Aus diesen Bibliotheken wurden die BAC-Klone mit der  
50 Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei diesem Verfahren wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in

verschiedene Gruppen (pools) kombiniert. Dies geschieht in einer solchen Weise, daß nach der Durchführung einer genspezifischen PCR in den verschiedenen Pools eine eindeutige Klon-Zuordnung möglich ist. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.

5

~~Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne diese darauf zu beschränken.~~

- 10 Die verwendeten Bibliotheken von Genome Systems waren CITB B und CITB C. Klone aus der Bibliothek von Genome Systems sind unterstrichen.

#### Brust Tumor

Seq. ID  
Nr.

#### Identifizierte BACs

3	431/F/22	461/J/18	276/D/4	360/G/5	276/D/5
7	241/D/11				
9	<u>13/M/23</u>	<u>102/H/20</u>	<u>210/O/17</u>	<u>278/B/10</u>	<u>278/B/20</u>
10	319/P/11	492/J/15			
23	565/E/8				
25	<u>38/D/4</u>	<u>60/B/17</u>	<u>70/K/14</u>		
39	425/C/18				
42	221/L/9	407/M/9			
43	233/F/11	411/C/6	411/C/8	461/C/20	
45	557/D/15				
58	222/C/8	431/O/16			

15

TABELLE I

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
2	im Brusttumor überexprimiert	Ein 17-kDA Interferon-induziertes Gen über dessen Funktion nichts publiziert ist.	2x "UBIQUITIN_2"	670	1p36.31-p36.32	stSG29288 (D1S243-D1S468)
3	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des 5E5-Antigens der Ratte, hierbei handelt es sich wahrscheinlich um einen Transkriptionsfaktor.		1845	19q13.2	SHGC-11892 (SHGC-5919-D19S1071)
4	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "alpha-2-macroglobulin receptor-associated protein" gehört zu einem "Proteinase-Scavenging-System", das Proteinase-Aktivität abfängt.		1499	4p16.3	D4S412-D4S2925
5	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage migration inhibition factor related protein 14 (MRP-14)" spielt wahrscheinlich eine Rolle bei der Immunmodulation.	"EF_HAND_2"	688	1q21.2-q21.3	WI-6071 (D1S305-D1S635)
6	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Lamin B2 (LAMB2) bildet u.a. die nukleäre Lamina, welche unterhalb der inneren Zellmembran des Zellkerns liegt. Sie spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der Kernstruktur während des Zellzyklus und der Transkription.		909	19p13.3	D19S886-D19S216

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
7	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich die regulatorische Untereinheit eines RNA-bindenden Proteins, über dessen Funktion noch nichts publiziert wurde.		930	1p36.23-p36.31	D1S253-D1S450
8	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Antioxidant Enzym AOE37-2, welches vermutlich eine Peroxidase darstellt (Peroxiredoxin-Familie). Diese schützen die Zelle vor oxidativen Prozessen.	"AhpC-TSA"	989	unbekannt	unbekannt
9	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2017	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D3S255 (VI-7590-SHGC-5'22)
11	im Brusttumor überexprimiert	Das humane "macrophage capping protein", neuerdings "CapG" genannt, reguliert über die Aktine die Zellbeweglichkeit.	"Gelsolin"	1365	2p11.2-2p12	D2S289-D2S388
12	im Brusttumor überexprimiert	Ein Östrogen-induzierbares Gen (LIV-1), dessen Funktion noch nicht verstanden ist.		1597	18q12.2-q12.3	W1-14709
13	im Brusttumor überexprimiert	Die humane "integrin-linked kinase (ILK)" steuert den Zusammenbau der Fibrinection-Matrix und hemmt die Synthese von E-Cadherin. ILK-überexprimierende Zellen erzeugen Tumoren in Nacktmäusen.	3x "ank"; 2x "pkinase"	1780	11p15.3-15.5	D1S1318-D1S1338

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
14	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt, humanes HISTONE H2B2	"histone" ; "Arch_histone"	892	6p21.2-p22.3	D6276- D6S439
15	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog des Enhancers des Drosophila "rudimentary"-Gens ("human enhancer of rudimentary homolog"); es spielt möglicherweise eine Rolle im Pyrimidin-Stoffwechsel.	"ER"	992	14q22.3-q24.1	D14S63- D14S251 (SHGC- 33845- SHGC- 36869)
16	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Tim23 ist im Proteintranslokase-Komplex der inneren mitochondrialen Membran lokalisiert.		1196	10p15.1-q11.23	stSG1413 D10S604- D10S220
17	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich ein neues Ca <sup>2+</sup> -bindendes Protein.	"S_100"	1105	unbekannt	unbekannt
18	im Brusttumor überexprimiert	Ein neues humanes Gen mit Ähnlichkeit zu Maus "synaptosomal associated protein".		2006	7p12.1	D7S499- D7S2429
19	im Brusttumor überexprimiert	Das humane ITF ("intestinal trefoil factor").	"trefoil"	834	21q22.3	D21S1887 (D21S1259- D21S1260)
20	im Brusttumor überexprimiert	Der humane RNA polymerase II Transkriptionsfaktor.	"UBIQUITIN_2"	765	unbekannt	unbekannt
21	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		779	unbekannt	unbekannt
22	im Brusttumor überexprimiert	Die humane JAK1 Tyrosinkinase.	"pkinase"	2327	1p31.1-p32.1	T29761 (D1S203- D1S2865)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
23	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		911	4p11	SHGC4-959 (D4S774-SHGC4-1002)
24	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		595	unbekannt	unbekannt
25	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		886	18q23	SHGC-30832 (SHGC-32075-SHGC-17251)
27	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1684	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260-D21S261)
29	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Ribonuklease 6-Vorläufer-Molekül.	"ribonuclease_T2"	1249	6q26-q27	D6S264-D6S1697
30	im Brusttumor überexprimiert	Das humane 80K-L Protein (auch MARCKS), ein Substrat der Protein-Kinase C. MARCKS bindet Calmodulin, Actin und Synapsin.		3070	6q21	SHGC-13147 (SHGC-31123-AFM059xh8)
31	im Brusttumor überexprimiert	Das humane BCL-X, ein Apoptosis-Regulator.		2751	1p21.1	SHGC-32538; D1S2865-D1S418



Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
33	im Brusttumor überexprimiert	Der humane Benzodiazepin-Rezeptor.		890	22q13.33	PC106 (SHGC-7735-PH130)
35	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Ubiquitin Oxidoreduktase.		693	5p13.1-q11.2	sts-H45672 (D5S628-D5S474)
36	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue ATPase, welche zur Familie der Kinesine gehört.		1054	unbekannt	unbekannt
37	im Brusttumor überexprimiert	Der Monocyte/Macrophagen "Ig-related receptor MIR-7".		541	12q14.2-q14.3	SHGC-33073 (SHGC-35867-D12S1722)
38	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		1187	unbekannt	unbekannt
39	im Brusttumor überexprimiert	Eine neue putative Serin-/Threoninkinase.	"pkinase"; "pkinase_C"	2281	6q22.33	WI-13202
40	im Brusttumor überexprimiert	Das putatives Kupfer-Aufnahme Protein hCTR2.		1759	9q31.3-q32	WI-11879
41	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Alpha Galaktosidase A.		1447	Xq22.2-q23	DXS1231-DXS1059
42	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		831	1q32.1-1q32.2	AFMa082wf 9 (SHGC-12033-AFM224xc1)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
43	im Brusttumor überexprimiert	Diese neue Sequenz hat eine gewisse Homologie zur Benzoat-Coenzym A Ligase.		528	17q21.33	SHGC-31935 (NB1385-SHGC-30378)
44	im Brusttumor überexprimiert	7TM-Protein		1027	22q13.33	AFM040xd1 (SHGC-11380-AFMa151xe9)
45	im Brusttumor überexprimiert	Die humane Phosphatase 2A B56 (PP2A).		2160	1q32.2-q32.3	W7329 (AFM203zb6-AFM156xg7)
46	im Brusttumor überexprimiert	HUMANES Homologes zu einem Maus co-Chaperonin; Hs.24930; Homo sapiens cofactor A protein mRNA		642	unbekannt	unbekannt
47	im Brusttumor überexprimiert	Homolog zu einem imprinted Gen von Chromosom 11; Hs.110222		1415	1q32.1	sts-F17262 (D1S2622-D1S306)
48	im Brusttumor überexprimiert	Vermutlich das humane Ortholog einer ATP-abhängigen RNA-Helicase.	"HELICASE"	2949	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC-13473-AFM021zd1)
49	im Brusttumor überexprimiert	Kopplungsfaktor F6 ist eine Komponente der mitochondrialen ATP-Synthase, welcher für die Interaktion des katalytischen und protonenübertragenden Segments erforderlich ist; Hs.73851		665	unbekannt	unbekannt

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
50	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		904	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
51	im Brusttumor überexprimiert	neue humane ATPase		1239	9q32	ATC7 (SHGC- 8827- SHGC- 14379)
52	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.10927		966	19p13.3-p13.2	stSG8216 (pTEL- D19S413)
53	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zum NAG-2 Gen; Hs.26518	"transmembrane4"	556	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318- D11S909)
54	im Brusttumor überexprimiert	Arginin Methyltransferase; Hs.20521	"SAM_BIND"	1349	19q13.13- q13.33	D66904 (D19S425- D19S418)
55	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt; Hs.5241		2021	17q11.2-17q12	sts-F18808 (D17S933- D17S800)
56	im Brusttumor überexprimiert	Stromelysin	"hemopexin"	900	22q11.23-q12.1	D22S446- D22S419 (SHGC- 2886- SHGC- 33862)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
57	im Brusttumor überexprimiert	humanes GTP bindendes Protein		1212	Yp11.3 bzw. Xp22.33-xp22.32	SHGC-5419 alias DYS153 (DYS290-DYS136)
58	im Brusttumor überexprimiert	Homologes zu Prostata bindendem Protein, Untereinheit C-1	"Uteroglobin"	494	11p11.2-q13.1	GATA8A08-SHGC-31731
59	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"Ribosomal_L21p"	729	12q14.1	D12S335
61	im Brusttumor überexprimiert	Glucose-6-phosphate dehydrogenase Homolog	2x "IMPDH"	1315	14q11.1-q11.2	SHGC-11217 (SHGC-31172-AFM084ya1)
62	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt	"NLS_BP"	2011	16q12.1	SHGC-34581 (D16S3363 E-D16S3334)
63	im Brusttumor überexprimiert	unbekannt		2009	1p21.1	SHGC-32188
64	im Brusttumor überexprimiert	Ets Transkriptionsfaktor	"Ets"	2269	1q32.2	unbekannt
65	im Brusttumor überexprimiert	IL 13 Rezeptor alpha-1 Kette		1874	Xq23	SHGC-37555

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
66	im Brusttumor überexprimiert	Inhibition der Zellteilung und der Makrophagen Aktivität. Protein-Kinasen Inhibitor		687	1q21.2-q21.3	D1S305-D1S2635
67	im Brusttumor überexprimiert	möglicherweise eine Dehydrogenase		1528	unbekannt	unbekannt
149	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 4		1624	4p16.3	D4S412-D4S2925
150	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 9		1756	8p12-p11.23	AFM023xc1 alias D8S255 (WI-7590-SHGC-5722)
151	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 25		1638	18q23	SHGC-30832 (SHGC-32075-SHGC-17251)
152	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 27		2589	21q21.3-q22.12	A006Y36 (D21S260-D21S261)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
153	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 44		2963	22q13.33	AFMb040xd 1 SHGC- 1380- AFMa151xe 9
154	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 45		3234	1q32.2-q32.3	W1-7329 (AFM203zb 6- AFM156xg7 )
155	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 48		3080	10q26.11	AFM200yh6 (SHGC- 13473- AFMb021zd 1
156	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 50		2407	5p15.31-15.33	D5S426- D5S455
157	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 51		1625	9q32	ATC7 (SHGC- 8427- SHGC- 1379)

Seq. ID Nr.	Expression	Funktion	Modul	Länge der angemeldeten Sequenz (bp)	Chromosomale Lokalisation	Marker
158	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 53		1402	11p15.3-p15.5	sts-W47645 (D11S1318-D11S909)
159	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 62		2159	16q12.1	SHGC-34581 (D16S3363 E-D16S3334)
160	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 63		2795	1p21.1	SHGC-32788
161	im Brusttumor überexprimiert	Verlängerung zu Seq. ID Nr. 67		1711	unbekannt	unbekannt
201	im Brusttumor überexprimiert	Das humane Osteopontin.	"Osteopontin"	1712	4q21.23-q22.1	D4S1542
202	im Brusttumor überexprimiert	Proteoglycan		1610	2p23.1-23.2	D2S387 (D2S171-D2S320)

TABELLE II

DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) ID. No	Seq.
-----------------------------	----------------------------------	------

3	71				
9	72	73	74	75	76
14	77				
16	78				
17	79				
18	81				
19	82				
20	83				
21	84	85	86	87	
23	88	89			
24	90				
25	91				
27	92	93			
29	94				
31	95	96	97	98	
33	99	100			
35	101				
36	102				
38	103				
39	104				
40	105				
41	106				
42	107				
43	108	109	110		
44	111	112	113		
46	114				
47	115	116			
48	117				
49	118	119			
50	120				
51	121				
52	123				
53	126				
54	128				
55	129	130	131	132	133
56	134	135			
57	136				
58	137				
59	138	139			
61	140				
62	141				
63	142	143	144		
64	145				
66	146				
67	147				
149	162	163	164		



DNA-Sequenz Seq. ID. No.	Peptid-Sequenz (ORF's) Seq. ID. No
150	165 166 167
151	168
152	172
153	174
154	177 178 179
155	180
156	183 184 185
157	187
158	190
159	192 193 194
160	195 196 197
161	198

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-200 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

### Sequenzprotokoll

#### (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

- (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brusttumorgewebe

- (iii) Anzahl der Sequenzen: 143

##### (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

#### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

##### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 670 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

##### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

##### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2 :

```

atagggccgg  tcttcccttc  ggaagccggc  ggctgagagg  cagcgaactc  atctttgcca  60
gtacaggagc  tcttcccttg  gccacagcc  cacagccac  agccatgggc  tgggacctga  120
cgggtgaagat  ctgagcgggc  aacgaattcc  aggtgtccct  gagcagctcc  atgtcgggtg  180
cagagctgaa  agccacatc  acccagaaga  tcggcgtgca  cgccttcag  cagcgtctgg  240
ctgtccaccc  agcggatgtg  gcgctgcagg  acagggtccc  ccttgccagc  cagggcctgg  300
gccccggcag  cctccctctg  ctggtggtgg  acaaatgcga  cgaacctctg  agcatcctgg  360
tgaggaataa  ccaaggccgc  agcagcacct  acgaggtgcg  gctgacgcag  accgtggccc  420
acctgaagca  gcaagtgaac  gggctggagg  gtgtgcagga  cgacctgttc  tggctgacct  480
tcgaggggaa  cccctggag  gaccagctcc  ccctggggga  gtacggcctc  aagccctga  540
gcaccgtgtt  catcaatctg  ccctgcggg  gaggcggcac  agagcctggc  gggcggagct  600
aagggcctcc  accagcatcc  gagcaggatc  aagggccgga  aataaaggct  gttgtaaaga  660
gaaaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

ggtgccgtca  cgggacagag  cagtcggtga  caggacagag  cagtcggtga  cgggacacag  60
tggttggtga  cgggacagag  cggtcggtga  cagcctcaag  ggcttcagca  ccgcgccccat  120
ggcagagcca  qaccgactca  gattcagact  ctgagggagg  agccgctggg  ggagaagcag  180
acatggactt  cctgcggaac  ttattctccc  agacgctcag  cctgggcagc  cagaaggagc  240
gtctgctgga  cqagctgacc  ttggaagggg  tggcccggtg  catgcagagc  gaacgctgtc  300
gcagagtcac  ctgtttggtg  ggagctggaa  tctccacatc  cgcaggcatc  cccgactttc  360
gctctccatc  caccggcctc  tatgacaacc  tagagaagta  ccatcttccc  taccagagag  420
ccatctttga  gatcagctat  ttcaagaaac  atccggaacc  cttcttcgcc  ctgcgcaagg  480
aactctatcc  tgggcagttc  aagccaacca  tctgtcacta  cttcatgcgc  ctgctgaagg  540
acaaggggct  actcctgcgc  tgctacacgc  agaacataga  taccttgag  cgaatagccg  600
ggctggaaca  ggaggacttg  gtggaggcgc  acggcacctt  ctacacatca  cactgcgtca  660

```

```

ggccaagtgc cggcacgaat acccgctaag ctggatgaaa gagaagatct tctctgaggt 720
gacgccccaa tgtgaagact gtcagagcct ggtgaagcct gatatcgtct tttttggtga 780
gagcctccca gcgcgtttct tctcctgtat gcagtcagac ttctgaagg tggacctct 840
cctggtcatt ggtacctct tgcagggtga gccctttgcc tccctcatca gcaaggcacc 900
cctctccacc cctcgccctgc tcatcaacaa ggagaaagct ggccagtcgg accctttct 960
ggggatgatt atgggacctg gaggagggat ggactttgac tccaagaagg cctacagggg 1020
cgtggcctgg ctgggtgaat gcgaccaggg ctgcctggcc cttgctgagc tctttggatg 1080
gaagaaggag ctggaggacc ttgtccggag ggagcacgcc agcatagatg cccagtcggg 1140
ggcgggggtc cccaacccca gcacttcagc ttcccccaag aagtcctccg cacttgccaa 1200
ggacgaggcc aggacaacag agaggagaa accccagtga cagctgcctc tcccaggcgg 1260
gatgccgagc tcttcaggga cagctgagcc ccaaccgggc ctggccccct ctttaaccag 1320
agttcttctg tggggagctc agaacatccc ccaatctctt acagctccct ccccaaaact 1380
ggggtccca ccaaccctgg ccccaacccc agcaaatctc taacacctcc tagaggcca 1440
ggcttaaaca ggcatctcta ccagcccccac tgtctctaac cactcctggg ctaaggagta 1500
acctccctca tctctaactg cccccactgg gccaggggta ccccgaaact ttttaactct 1560
ccaggacagg gagcttcggg cccccactct gtctcctgac cccgggggcc tgtggctaag 1620
taaaccatac ctaacctacc ccagtgtggg tgtgggctc tgaatctaac ccacaccag 1680
cgtaggggga gtctgagccg ggagggtcc cgagtctctg ccttcagctc ccaaagtggg 1740
tgggtggccc ccttcacgtg ggacccactt ccatgctgg atgggcagaa gacattgctt 1800
attggagaca aattaaaaac aaaaacaact aacaaaaaaa aaaaa
1845

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cggtcgagg gcgcgcggga gggtcaggtc gtttctgcgc gggctcccg cgtgctact 60
gctgctgctc ttctcggggc cctggccgcg tgcgagccac ggcggcaagt actcgcgga 120
gaagaaccag cccaagccgt ccccgaacgc cgagtcggga gaggagttcc gcatggagaa 180
gttgaaccag ctgtgggaga aggccagcg actgcacttt cctcccgtag ggctggccga 240
gctccacgct gatctgaaga tacaggagag ggacgaactc gcctggaaga aactaaagct 300
tgacggcttg gacgaagatg gggagaagga agcgagactc atacgcaacc tcaatgtcat 360
cttggccaa g tatggctctg acggaaaqaa ggacgctcgg caggtgacca gcaactccct 420

```

```

cagtggcacc caggaagacg ggctggatga cccagggctg gaaaagctgt ggcacaaggc 480
gaagacctct gggaaattct cggcggaaga actggacaag ctctggcggg agttcctgca 540
tcacaaagag aaagtccacg agtacaacgt cctgctggag accctgagca ggaccgaaga 600
aatccacgag aacgtcatta gcccctcgga cctgagcgac atcaagggca gcgtcctgca 660
cagcaggcac acggagctga aggagaagct gcgcagattc aaccagggcc tggaccgcct 720
gcgcagggtc agccaccagg gctacagcac tgaggctgag ttcgaggagc ccagggtgat 780
tgacctgtgg gacctggcgc agtccgcca cctcacggac aaggagctgg aggcgttccg 840
ggaggagctc aagcacttcg aagccaaaat cgagaagcac aaccactacc agaagcagct 900
ggagattgag cacgagaagc tgaggcacgc agagagcgtg ggcgacggcg agcgtgtgag 960
ccgcagccgc gagaagcacg ccctgctgga gggcgcgacc aaggagctgg gctacacgggt 1020
gaagaagcat ctgcaggacc tgctccggcag gatctccaga gctcggcaca acgaactctg 1080
aaggcattgg ggagcccagc ccggcagggg agaggccagc gtgaaggacc tgggctcttg 1140
gccgtggcat ttccgtggac agcccgcctg cagggtggct ggggctggca cgggtgtcga 1200
ggcaggaagg attgtttctg gtgactgcag ccgctgccgt cgcgacacag ggcttggtgg 1260
tggtagcatt tgggtctgag atcggcccag ctctgactga aggggcttgg cttccactca 1320
gcatcagcgt ggcagtcacc accccagtga ggacctcgat gtccagctgc tgtcaggtct 1380
gatagtcttc tgctaaaaca acacgattta cataaaaaat cttacacatc tgccaccgga 1440
aataccatgc acagagtctt taaaaaatag agtgcagtat ttaaaccaaa aaaaaaaaaa 1499

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 688 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5 :

```

gggccaagtg cccagtcag gagctgcta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgtgg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttccac caataactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
caciaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagttcatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cacgagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagt gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccaccctgcc 540

```

```

tctacccaac cagggcccccg gggcctgtta tgtcaaaactg tcttggetgt ggggctaggg 600
gctgggggcca aataaagtct ctctctccaa gtcagtgtct tgtgtgtctt tccagctcc 660
tgttcaacac tgcctttcca ggggtgtg          688

```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:****(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 909 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

**(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA****(iii) HYPOTHETISCH: NEIN****(iii) ANTI-SENSE: NEIN****(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6 :**

```

tcgagccgca ttcgaccaga agtcggcgca cgcggcctcg gtccgggtga ctttgccggac 60
catggagggc ggcttcggct ccgatttcgg gggctccggc agcgggaagc tggacccagg 120
gctcataatg gagcaggtga aagtgcagat cgcctgggcc aacgcgcagg agctgctgca 180
gaggatgacg gacaagtgtt tccggaagtg tataggga aa cctgggggct cctgggacaa 240
ctccgagcag aagtgcacgc ccatgtgcat ggaccgctac atggacgctt ggaacaccgt 300
gtctcgcgcc tacaactcgc ggctgcagcg ggaacgagcc aacatgtgac cggcgagcgc 360
gggccacccc accctgttca ttccataaaa cgtgctttga gaggcggggg cgcgatgtac 420
gtactgcctg cccgggggctt aggagggtgg caccgggtgt gggacacacg ggactgtgtc 480
ctcgccaccc cccgccttgc cccctgccag ccagtgcagc ttggatctcg ggggtgtggg 540
gccctgtgcc ttcttgaagt gctggcagcc cagtggcacc tccttcaggc ctttggggta 600
ttcccttagt gtgccaagt cagcctcata ttctggggcg acagcttgtc tggacttcgg 660
agttgggggt ggtcagacac cacaggagct gtcacctct cgggatgggc aaataaattg 720
gtggaggacg gaaagaaacc tctttatttc cctcctgagg ggtctctctc tgggaagagg 780
tgacgcgtgt ccttgaacc ccagctcgga gggctcagc ctccctggg ttgggagaag 840
tccatcttct ccttagtgcc caccgggctg ctgagtcacg aggaatgtgt tgcgtgtgcc 900
acccctgcc          909

```

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:****(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 930 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

tgaggccaag ggcgcgtgag tctgcgcagt gtggggctga gggaggccgg acggcgcgcg 60
tgcgtgctgg cgtgcgttca ctttcagcct ggtgtggggc ttgtaaacat ataacataaa 120
aatggcttcc aaaagagctc tggtcaccc tggctaaagga gcagaggaaa tggagacggt 180
catccctgta gatgtcatga ggcgagctgg gattaaggct accgctgcag gcctggctgg 240
aaaagacca gtacagtga gccgtgatgt ggtcatttgt cctgatgcca gccttgaaga 300
tgcaaaaaaa gagggaccat atgatgtggt ggttctacca ggaggtaatc tgggcgcaca 360
gaatttatct gagtctgctg ctgtgaagga gatactgaag gagcaggaaa accggaaggg 420
cctgatagcc gccatctgtg caggctctac tgctctgttg gctcatgaaa taggttttgg 480
aagtaaagtt acaacacacc ctcttgctaa agacaaaatg atgaatggag gtcattacac 540
ctactctgag aatcgtgtgg aaaaagacgg cctgattctt acaagccggg ggcttgggac 600
cagcttcgag tttgcgcttg caattgttga agccctgaat ggcaaggagg tggcggctca 660
agtgaaggct ccacttgctt ttaaagacta gagcagcgaa ctgcgacgat cacttagaga 720
aacaggccgt taggaatcca ttctcactgt gttcgctcta aacaaaacag tggtaggtta 780
atgtgttcag aagtcgctgt ccttactact tttgcggaag tatggaagtc acaactacac 840
agagatttct cagcctacaa attgtgtcta tacatttcta agccttggtt gcagaataaa 900
cagggcattt agcaaactaa aaaaaaaaaa 930

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 989 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

~~(vii) SONSTIGE HERKUNFT:~~

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

cgcgcggggcg tcgtqcaagc ggttgtagct gcccggcggc ggcagaagcg gcgctcgccg 60
caagggacgt gtttctgccc tcgcgtggtc atggaggcgc tgccgctgct agcccgacac 120
actccggacc acggccgcca ccgaaggctg cttctgctgc cgtactgctg gttcctgctg 180
ccggctggag ctgtgcaggg ctgggagaca gaggagagcg cccggactcg cgaagaggag 240
tgccacttct acgcgggttg acaagtgtac ccgggagagg catcccgggt atcggtcgcc 300
gaccactccc tgccactaag caaagcgaag atttccaagc cagcgcccta ctgggaagga 360
acagctgtga tcgatggaga atttaaggag ctgaagttaa ctgattatcg tgggaaatac 420
ttgggttttct tcttctaccc acttgatttc acatttgtgt gtccaactga aattatcgct 480
tttgggcgaca gacttgaaga attcagatct ataaatactg aagtggtagc atgctctggt 540
gattcacagt ttacccattt ggccctggatt aatacccttc gaagacaagg aggacttggg 600
ccaataagga ttccacttct ttcagatttg acccatcaga tctcaaagga ctatggtgta 660
tacctagagg actcaggcca cactcttaga ggtctcttca ttattgatga caaagggaatc 720
ctaagacaaa ttactctgaa tgatcttctt gtgggtagat cagtggatga gacactacgt 780
ttgggttcaag cattccagta cactgacaaa cacggagaag tctgccttgc tggctggaaa 840
cctggtagtg aaacaataat ccagatcca gctggaaagc tgaagtattt cgataaactg 900
aattgagaaa tacttcttca agttatgatg cttgaaagtt ctcaataaag ttcacggttt 960
cattacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

aagcaacctc gtttatgtct tatctttgca ttttcctgta ttcagctatt ttcttaaagg 60
aaggcccagg tctgtattat cctactgcca cataggaagt aaaatgagta ctcacagcct 120
tgcgccaat cactgaacac agcttttagt aatgttttac acaagaacag gatattggca 180
actcaactgt taagcctttc tgtgattatt ctctctgag atcactctga tgtcaccagt 240
gtaatttgag cctggagctt ttgttcacac tttaaatagc agtcccagaa tgatttctact 300
acagactctc tggaaagcct gggagctgaa ttccggaaga tccccacatc gatgaaagca 360
aagcgaagca ccaagccatc atcatgtcca cgtcgtacg agtcagccca tccatccatg 420
gctaccactt cgacacagcc tctcgtgaaga aagccgtggg caacatcttt gaaaacacag 480
accaagaatc actagaaagg ctcttcagaa actctggaga caagaaagca gaggagagag 540
ccaagatcat ttttgccata gatcaagatg tggaggagaa aacgcgtgcc ctgatggcct 600
tgaagaagag gacaaaagac aagcttttcc agtttctgaa actgcggaaa tattccatca 660
aagttcactg aagagaagag gatggataag gacgttatcc aagaatggac attcaaagac 720
caagtgaagt tgtgagattc taacagatgc agcattttgc tgctacctta caagcttctc 780
ttctgtcagg actccagagg ctggaaaagg accgggactg gaaagggacc aggactgaac 840
agactggta caaagactcc aaacaatttc atgccctgtg ctgttacaga ggagaacaaa 900
atgctttcag caaggatttg aaaactcttc cgtccctgca ggaaaggatt gatgctgata 960
gaagagcctg gacagatgta atgagaacta aagaaaacag atggctggag atgacattt1020
tccagggtca ctttgtcagg ccttaggact taaatcgaag ttgaactttt tttttttttt1080
aaccaaatag ataggggagg ggaggaggga gaggaggac agggagagaa aataccatgcl1140
ataaattgtt tactgaattt ttatatctga gtgttcaaaa tatttccaag cctgagtatt1200
gtctattggt atagattttt agaaatcaat aattgattat ttatttgac ttattacaat1260
gcctgaaaaa gtgcaccaca tggatgttaa gtagaaattc aagaaagtaa gatgtcttca1320
gcaactcagt aaaaccttac gccacctttt ggtttgtaaa aggtttttta tacatttcaal1380
acaggttgca caaaagttaa aataatgggg tcttttataa atccaaagta ctgtgaaaac1440
attttacata ttttttaa atctctgacta atgctaaaac gtaatcta at taaatttcat1500
acagttactg cagtaagcat taggaagtga atatgatata caaatagtt tataaagact1560
ctatagtctc tataatttat ttactggca aatgtcatgc aacaataata aattattgta1620
aactttgtgg cttttggtct gtgatgcttg gtctcaaagg aaaaaataag atggtaa atg1680
ttgatattta caaacttttc taaagatgtg tctctaacaa taaaagttaa ttttagagta1740
gttttatatt aattaccaa ctttttcaaa acaaattctt acgtcaataa totgggaagt1800
ttctctgtcc caatcttaaa atataaaata tagatataga agttcataga ttgactcctt1860
ggcatttcta tttatgtatc cattaaggat gagtttttaa aggctttctc ttcatacttt1920
tgaaaaattt cttctatgat tacagttagt atgtacatgt gtacatctat ttttcccaag1980
caatatgttt tgggtttaga gtctgagtga tgaccaa 2017

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1365 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

```

ggggcaggct gagacagcgc ccagaacctc ggagcaaggc qttggcagat ctgaagacag 60
catgtacaca gccattcccc agagtggctc tccattccca ggctcagtgc aggatccagg 120
cctgcatgtg tggcgggtgg agaagctgaa gccgggtgct gtggcgcaag agaaccaggg 180
cgtcttcttc tcgggggact cctacctagt gctgcacaat ggcccagaag aggtttccca 240
tctgcacctg tggataggcc agcagtcata ccgggatgag cagggggcct gtgccgtgct 300
ggctgtgcac ctcaacacgc tgctgggaga gcggcctgtg cagcaccgcg aggtgagggc 360
aatgagtctg acctcttcat gagctacttc ccacggggcc tcaagtacca ggaaggtggt 420
gtggagttag catttcacaa gacctccaca ggagccccag ctgccatcaa gaaactctac 480
caggtgaagg ggaagaagaa catccgtgcc accgagcggg cactgaactg ggacagcttc 540
aacactgggg actgcttcat cctggacctg gccagaaca tcttcgcctg gtgtggtgga 600
aagtccaaca tcctggaacg caacaaggcg agggacctgg ccctggccat ccgggacagt 660
gagcgacagg gcaaggccca ggtggagatt gtcactgatg gggaggagcc tgctgagatg 720
atccaggctc tgggccccaa gcctgctctg aaggagggca accctgagga agacctcaca 780
gctgacaagg caaatgccc ggcgcagct ctgtataagg tctctgatgc cactggacag 840
atgaacctga ccaaggtggc tgactccagc ccatttgccc ttgaactgct gatattctgat 900
gactgctttg tgctggacaa cgggctctgt ggcaagatct atatctggaa ggggcgaaaa 960
gcgaatgaga aggagcggca ggcagccctg caggtggccg agggcttcat ctgcgcgatg 1020
cagtacgccc cgaacactca ggtggagatt ctgcctcagg gccgtgagag tcccattctc 1080
aagcaatttt tcaaggactg gaaatgaggg tgggcgtctt cctgccccat gctcccctgc 1140
ccccaccac ctgcctgctt gcttctctgg ctgcctggtc agtgagagg tgccccctgc 1200
agatgttcaa taaaggagac aagtgtcttc ccagctcttt tcctgcaaaa cctgcctcgg 1260
gctgattctc actgtcacc acctattcac ctgggttcat ccccatgctg ggggtggagt 1320
agcacacaga tgacaattgg acagccttgg aggggccaga gctgc 1365

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1597 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```

accaatggcc aggccatcgc tgaaagatgc cggcgtcgcc actctggcct ggatgggtgat 60
aatgggtgat ggcctgcaca atttcagcga tggcctagca attgggtgctg cttttactga 120
aggcttatca agtgggttaa gtacttctgt tgcgtgttgc tgcatgagt tgcccatga 180
attaggtgac tttgctgttc tactaaaggc tggcatgacc gtttaagcagg ctgtccctta 240
taatgcattg tcagccatgc tggcgtatct tgggaatggca acaggaattt tcattgggtca 300
ttatgctgaa aatgtttcta tgtggatatt tgcacttact gctggcttat tcatgtatgt 360
tgctctgggt gatatggtac ctgaaatgct gcacaatgat gctagtgacc atggatgtag 420
ccgctggggg tatttctttt tacagaatgc tgggatgctt ttgggttttg gaattatgtt 480
acttatttcc atatttgaac ataaaatcgt gtttcgtata aatttctagt taagggttaa 540
atgctagagt agcttaaaaa gttgtcatag ttccagtagg tcatagggag atgagtttgt 600
atgctgtact atgcagcgtt taaagttagt gggttttgtg atttttgtat tgaatattgc 660
tgtctgttac aaagtcagtt aaaggtacgt ttaaatattt aagttattct atcttgga 720
taaaatctgt atgtgcaatt caccggtatt accagtttat tatgtaaaca agagatttgg 780
catgacatgt tctgtatgtt tcagggaaaa atgtctttaa tgctttttca agaactaaca 840
cagttattcc tatactggat tttaggtctc tgaagaactg ctggtgttta ggaataagaa 900
tgtgcatgaa gcctaaaaata ccaagaaagc ttatactgaa ttaagcaaaa gaaataaagg 960
agaaaagaga agaactctgag aattgggggag gcatagattc ttataaaaaat cacaaaattt 1020
gttgtaaatt agagggggaga aatttagaat taagtataaaa aaggcagaat tagtatagag 1080
tacattcatt aaacattttt gtcaggatta ttcccgtaa aaacgtagtg aggcactttt 1140
catatactaa tttagttgta catttaactt tgtataatac agaaatctaa atatatttaa 1200
tgaattcaag caatatatca cttgaccaag aaattggaat ttcaaaatgt tcgtgcgggt 1260
atataccaga tgagtacagt gagtgtttt atgtatcacc agactgggtt attgccaa 1320
tatatatcac caaaagctgt atgactggat gttctgggta cctgggtttac aaaattatca 1380
gagtagtaaaa actttgatat atatgggat attaaaacta cactaagtat catttgattc 1440
gattcagaaa gtactttgat atctctcagt gcttcagtg tatcattgtg agcaattgtc 1500
ttttatatac ggtactgtag ccatactagg cctgtctgtg gcattctcta gatgtttctt 1560
ttttacacaa taaattccct atatcagctt gaaaaaa 1597

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

```

cgggcgcgggc  cggacggtag  ttccccggag  aaggatcctg  cagccccgagt  cccgaggata  60
aagcttggggg  ttcacccctcc  ttccctggag  cccgagtcctc  gtccctcaggc  ttcccccaatc  120
cagggggaactc  ggcgccggga  cgctgctatg  gacgacattt  tcactcagtg  ccgggaggggc  180
aacgcagtcg  ccgttcgcct  gtggctggac  aacacggaga  acgacctcaa  ccaggggggac  240
gatcatggct  tctccccctt  gcactggggc  tgccgagagg  gccgctctgc  tgtggttgag  300
atgttgatca  tgcggggggc  acggatcaat  gtaatgaacc  gtggggatga  cccccccctg  360
catctggcag  ccagtcatgg  acaccgtgat  attgtacaga  agctattgca  gtacaaggca  420
gacatcaatg  cagtgaatga  acacgggaat  gtgcccctgc  actatgcctg  tttttggggc  480
caagatcaag  tggcagagga  cctggtggca  aatggggccc  ttgtcagcat  ctgtaacaag  540
tatggagaga  tgctgtgga  caaagccaag  gcacccctga  gagagcttct  ccgagagcgg  600
gcagagaaga  tgggccagaa  tctcaaccgt  attccataca  aggacacatt  ctggaagggg  660
accacccgca  ctcgccccc  aaatggaacc  ctgaacaaac  actctggcat  tgacttcaaa  720
cagcttaact  tcttgacgaa  gctcaacgag  aatcactctg  gagagctatg  gaagggccgc  780
tggcagggca  atgacattgt  cgtgaagggt  ctgaagggtc  gagactggag  tacaaggaag  840
agcagggaact  tcaatgaaga  gtgtccccgg  ctcaggattt  tctcgcatcc  aaatgtgtct  900
ccagtgttag  gtgcctgcc  gtctccacct  gctcctcatc  ctactctcat  cacacactgg  960
atgccgtatg  gatccctcta  caatgtacta  catgaaggca  ccaatttcgt  cgtggaccag  1020
agccaggctg  tgaagtttgc  tttggacatg  gcaaggggca  tggccttcct  acacacacta  1080
gagccccctca  tcccacgaca  tgcactcaat  agccgtagtg  taatgattga  tgaggacatg  1140
actgcccga  ttagcatggc  tgatgtcaag  ttctctttcc  aatgtcctgg  tcgcatgtat  1200
gcacctgct  gggtagcccc  cgaagctctg  cagaagaagc  ctgaagacac  aaacagacgc  1260
tcagcagaca  tgtggagttt  tgcagtgcct  ctgtgggaac  tgggtgacac  ggaggtacct  1320
tttgcagacc  tctccaatat  ggagattgga  atgaagggtg  cattggaagg  ccttgggcta  1380
ccatccacc  aggtatttcc  cctcatgtgt  gtaagctcat  gaagatctgc  atgaatgaag  1440
accctgcaaa  gcgacccaaa  tttgacatga  ttgtgcctat  ccttgagaag  atgcaggaca  1500
agtaggactg  gaaggtcctt  gcctgaactc  cagaggtgtc  gggacatggt  tgggggaatg  1560
cacctcccca  aagcagcagg  cctctgggtg  cctccccgc  ctccagtcac  ggtactacct  1620
cagccatggg  gtccatcccc  ttcccccatc  cctaccactg  tggccccaag  aggggcgggc  1680
tcagagcttt  gtcacttgcc  acatggtgtc  tcccaacatg  ggagggatca  gccccgcctg  1740
tcacaataaa  gtttattatg  aaaacaaaaa  aaagggtgtg  1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 892 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccgaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag 120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc 180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg 240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttogaacgca 300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg 360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg 420
agggcaccaa ggccgtcacg aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt 480
tctctggaat ttcttgaat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt 540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctatgtggac 600
ttttccacaa gctaaagctg gctctttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcattttac 660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttccctca 720
aagaattgtc tacattaccg atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct 780
gtaacccaat ggggggttgg ggtaatatc tgtggctctc agccctgtac cttaataaat 840
ttgtatgctt ttctctttaa aaaaaaaaaa gaggggaagaa ggaagaggat gc 892

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 992 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcgtt gtagttaagc tcgtgtaacg gccggcggtg 60
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctgggtacg 120

```

```

cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg 180
gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctt 240
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc 300
ctggttttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag 360
aagatctacg tgcctcttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag 420
cactgggggg gttgggggtg gcttgggaaca cagggtgtga cagcgtgtg tagtgggaag 480
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta 540
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccgtt acctctctct tttctttctc 600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg 660
tcacttaatg ttggttccag tcttccaact gttcatatct actttataac attcacatac 720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata 780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaattgaag 840
gactggaacc aacattaagt gacgaagaac aactgtgggt tgtgggaaaag gctttggacc 900
tagaccaacc tggattgaaa tctaattttc tcacttaagg gaagttcaat tactcctcag 960
tcccacatc tatcagtggt gataatgcct ag 992

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

gggcgcccgg aaggtcagcg tgtgaagtag gcgctggcaa cgcgggggta cccgctgtta 60
ttgaggagta acggcccagc ggaccaccca ggcttgagge agcggcgga accactcggg 120
ttgctgcgat accatggaag gaggcggggg aagcggcaac aaaaccacag ggggattggc 180
cggttttttc ggagccggcg gaggcaggta ctgcacgcg gatttggetg gcgtcccgt 240
aactggatg aacctctgt ctcttattt aaatgtggat ccacgatacc tcgtgcagga 300
tacagatgag ttatttttac ctaccggagc taataaaacc cggggcagat ttgagctggc 360
cttcttttac attggaggat gttgcatgac aggggctgcg tttggtgcaa tgaatgggtc 420
tcggctagga ttgaaggaaa cccaagacat ggccgtggcc aaaccaagaa atgtacagat 480
tttgaatatg gtgactaggc aaggggcact ttgggctaact actctagggt ctctggcttt 540
gctctatagt gcatttggtg tcatcattga gaaaacacga ggtgcagaaq atgaccttaa 600
cacagtagca gctggaacca tgacaggcat gttgtataaa tgtacagggt gtcttcgagg 660

```

```

gatagcacga ggtggtctga caggactaac acttaccagc ctctatgcac tatataataa 720
ctgggagcac atgaaaaggct ccttgctcca acagtcactc tgaagatttt gccaaactcat 780
gaatggagga cacttcagta gtcactctaga tccttttata agacagtttg gagttattct 840
ctctcttcta cctacaatta gtttgaaaaa ttggagattt tgatttgctg tgatgaaaat 900
cctggatggc tgaccaagac tggcacttgt tccagccatt agtgagttga agccaaagcc 960
ctttggtgac tcaactgagta ccatggttct gttctctctt ggagatcttg cacgtatctg 1020
ttttctctcc ccatgaacta gaaaaccact tactcccaga attcaggctg tgcttgtttag 1080
tactatatca ccaagtccat tcatttaatg atccaaaact gtaatgttgc actgtattcc 1140
aaataaaggg taaaaacaga accaaagtta taactccaac acacaaaaaa aaaaaa 1196

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

ggcttaggcc cagccccctg cctccccctc ctccccccag gtataagagc tgagctcagg 60
tgagctggct cctectgtct tgtctcagcg gctgccaaca gatcatgagc catcagctcc 120
tctggggcca gctataggac aacagaactc tcaccaaagg accagacaca gtgagcacca 180
tgggacagtg tcggtcagcc aacgcagagg atgctcagga attcagtgat gtggagaggg 240
ccattgagac cctcatcaag aactttcacc agtactccgt ggagggtggg aaggagacgc 300
tgacccttc tgagctacgg gacctggtca cccagcagct gcccacatctc atgccgagca 360
actgtggcct ggaagagaaa attgccaacc tgggcagctg caatgactct aaactggagt 420
tcaggagttt ctgggagctg attggagaag cggccaagag tgtgaagctg gagaggcctg 480
tcggggggca ctgagaactc cctctggaat tcttgggggg tgttggggag agactgtggg 540
cctggagata aaacttgtct cctctaccac caccctgtac cctagcctgc acctgtcttc 600
atctctgcaa agttcagctt ccttccccag gtctctgtgc actctgtctt ggatgctctg 660
gggagctcat ggggtggagga gtctccacca gaggaggct caggggactg gttgggccag 720
ggatgaatat ttgagggata aaaatttgtt aagagccaaa gaattggtag tagggggaga 780
acagagagga gctgggctat gggaaatgat ttgaataatg gagctgggaa tatggctgga 840
tatctggtac taaaaaaggg tctttaagaa cctacttctt aatctcttcc ccaatccaaa 900
ccatagctgt ctgtccagtg ctctcttctt cctccagct ctgccccagg ctctctctag 960
actctgtccc tgggctaggg caggggagga gggagagcag ggttggggga gaggctgagg 1020

```

agagtgtgac atgtggggag aggaccagct ggggtgcttgg gcattgacag aatgatgggtt1080  
 gttttgtatc atttgattaa taaaa 1105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2006 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

tgcgagccga	ggcgccgagc	aagatggcgg	cgcgagtgtc	gcgcgcccgc	ggaggcgctg	60
ggccggcggc	ctcctgcagc	ggcgggcccc	ctgcagcctc	ctgcccaggc	tccggacatg	120
gacatcttcc	agcaacagat	ctcgagaaga	cagctggcta	aaatccttat	ttgtccggaa	180
agttgatcca	agaaaagatg	cccactccaa	tctcctagcc	aaaaaggaaa	caagcaatct	240
atacaaatta	cagtttcaca	atgttaaacc	ggaatgccta	gaagcataca	acaaaatttg	300
tcaagagggtg	ttgccaaaga	ttcacgaaga	taaacactac	ccttgtactt	tggtggggac	360
ttggaacacg	tggtatggcg	agcaggacca	agctgtccac	ctctggaggt	atgaaggagg	420
ctatccagcc	ctcacagaag	tcatgaataa	actcagagaa	aataaggaa	ttttggaatt	480
tcgtaaggca	agaagtgaca	tgtttctctc	caggaagaat	cagctcctgt	tggagtccag	540
tttctggaat	gagcctgtgc	caagatccgg	acctaataa	tatgaactca	ggtcttacca	600
actccgacca	ggaaccatga	ttgaatgggg	caattactgg	gctcgtgcaa	tccgcttcag	660
acaggatggt	aacgaagccg	tcggaggatt	cttctctcag	attgggcagc	tgtacatggt	720
gcaccatctt	tgggcttaca	gggatcttca	gaccagggaa	gacatacgga	atgcagcatg	780
gcacaaacat	ggctgggagg	aattggtata	ttacacagtt	ccacttatcc	aggaaatgga	840
atccagaatc	atgatcccac	tgaagacctc	gcccctccag	taaagctgta	gagtttctat	900
gtgcctacat	acatttctgt	gacaagtatt	tgtcgtaaat	taattttaat	tgtgtatcaa	960
gtgaaaaaga	aacactgagg	ttttaagctg	ctgtatatag	cttgtgagaa	acctcttttcl	1020
tttaaaattt	acataatcac	aagaaaggaa	agaattacag	ttggactgat	tgtgacagtg	1080
ccttgtcgtc	ctctttgaaa	caccccggtg	tgtccagtat	accttataac	acttagccac	1140
ttctccccac	cctccagaag	gggtccacgt	tgaattctga	atcatcttga	aaataagatt	1200
ccaaccacaa	aaaaaattta	gccatttctt	tactaaaaaa	aaccaaaaaa	caaatctgtt	1260
ttataatcac	agatttttag	acaaatttct	tgtatcagga	agaaatacaa	attttgcatt	1320
gtttctcaag	cagtttttct	gagtagtttc	tgaggaggaa	caaattacaa	gtgtacccaal	1380
taactgaaaa	tgttttaact	cactctcatt	tgtaaagcgt	ccacatagta	gacaatgggt	1440



```

tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatacagt ttcacatcat gtattgtgat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcataatg tgattttgaa1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggattt tttctataac aaaacaagta1620
gctctaggaa aagagggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
ctaatatatt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtgggtgcat1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaal860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaattg1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaac
2006

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 834 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

ccggaaccag aactggaatc cgcccttacc gcttgcctgcc aaaacagtgg gggctgaact 60
gacctctccc ctttgggaga gaaaaactgt ctgggagcctt gacaaaggca tgcaggagag 120
aacaggagca gccacagcca ggaggagag ccttcccca gcaaacaatc cagagcagct 180
gtgcaaacaa cggtgcataa atgaggcctc ctggaccatg aagcgagtcc tgagctgcgt 240
cccggagccc acggtggtca tggctgccag agcgcctctg atgctggggc tggctcctggc 300
cttgcctgctc tccagctctg ctgaggagta cgtgggcctg tctgcaaacc agtgtgccgt 360
gccagccaag gacagggtgg actgcggcta ccccatgtc accccaagg agtgcaacaa 420
ccggggctgc tgctttgact ccaggatccc tggagtgcct tgggtgtttca agcccttgca 480
ggaagcagaa tgcaccttct gaggcacctc cagctgcccc cggccggggg atgcgaggct 540
cggagcacc cttgccggct gtgattgctg ccaggcactg ttcattctcag cttttctgtc 600
cctttgctcc cggcaagcgc ttctgctgaa agttcatatc tggagcctga tgtcttaacg 660
aataaaggct ccattgctcca cccgaggaca gttcttcgtg cctgagactt tctgaggttg 720
tgctttatct ctgctgcgtc gtggacagcg ggagggtgtc aggggagagt ctgcccaggc 780
ctcaagggca ggaaaagact ccctaaggag ctgcagtgc tgcaggata tttt 834

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20 :

```

cgggaacggg gcggaacggg ctgcgcgggc gcgtcgaggg gagaggcagc agccgcgatg 60
gacgtgttcc tcatgatccg gcgccacaag accaccatct tcacggacgc caaggagtcc 120
agcacgggtgt tcgaactgaa gcgcacgtgc gagggcatcc tcaagcggcc tcctgacgag 180
cagcggctgt acaaggatga ccaactcttg gatgatggca agacactggg cgagtgtggc 240
ttcaccagtc aaacagcacg gccacaggcc ccagccacag tggggctggc cttccgggca 300
gatgacacct ttgaggccct gtgcacagag ccgttttcca gcccgccaga gctgccgat 360
gtgatgaagc cccaggactc gggaagcagt gccaatgaac aagccgtgca gtgagacccc 420
caagaggccc atttccccc ataaaaagaga tttgggagtc tgacaaaatg ctgcctcttt 480
ttcccgcccc tcctgggat gggtccact cctgtgggc tccttttggg gcttgtgctt 540
ggcagttcct gtgctgtcct gtctccaga tcctgagacc ctggctgaga acttggecca 600
gcctgctgct taaaggcacc atggggacct gggttgccct cagacccaag ccattgttag 660
cagctagcca gccacaccaa ccacgccagg gggaggaaag ggaaggaatg ggagagacac 720
aaagaccaga gccaacctca gggacaagag attccagtgt ggccct 765

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 779 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```

g c g g g g a g t c   c a g g t t c c g c   c c c g g a g c c g   a c t t c c t c c t   g g t c g g c g g c   t g c a g c g g g g   60
t g a g c g g c g g   c a g c g g c c g g   g g a t c c t g g a   g c c a t g g g g c   g c g c g c g c g a   c g c c a t c c t g   120
g a t g c g c t g g   a g a a c c t g a c   c g c c g a g g a g   c t c a a g a a g t   t c a a g c t g a a   g c t g c t g t c g   180
g t g c c g c t g c   g c g a g g g c t a   c g g g c g c a t c   c c g c g g g g c g   c g c t g c t g t c   c a t g g a c g c c   240
t t g g a c c t c a   c c g a c a a g c t   g g t c a g c t t c   t a c c t g g a g a   c c t a c g g c g c   c g a g c t c a c c   300
g c t a a c g t g c   t g c g c g a c a t   g g g c c t g c a g   g a g a t g g c c g   g g c a g c t g c a   g g c g g c c a c g   360
c a c c a g g g c t   c t g g a g c c g c   g c c a g c t g g g   a t c c a g g c c c   c t c c t c a g t c   g g c a g c c a a g   420
c c a g g c c t g c   a c t t t a t a g a   c c a g c a c c g g   g c t g c g c t t a   t c g c g a g g g t   c a c a a a c g t t   480
g a g t g g c t g c   t g g a t g c t c t   g t a c g g g a a g   g t c c t g a c g g   a t g a g c a g t a   c c a g g c a g t g   540
c g g g c c g a g c   c c a c c a a c c c   a a g c a a g a t g   c g g a a g c t c t   t c a g t t t c a c   a c c a g c c t g g   600
a a c t g g a c c t   g c a a g g a c t t   g c t c c t c c a g   g c c c t a a g g g   a g t c c c a g t c   c t a c c t g g t g   660
g a g g a c c t g g   a g c g g a g c t g   a g g c t c c t t c   c c a g c a a c a c   t c c g g t c a g c   c c c t g g c a a t   720
c c c a c c a a a t   c a t c c t g a a t   c t g a t c t t t t   t a t a c a c a a t   a t a c g a a a a g   c c a g c t t g a   779

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2327 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

```

cccacgcgctc cgagacatta ataagcttga agagcagaat ccagatatattg tttcagaataa 60
aaaaccagca actgaagtgg accccacaca ttttgaaaag cgcttcctaa agaggatccg 120
tgacttgga gaggggcact ttgggaaggt tgagctctgc aggtatgacc ccgaaggagac 180
caatacaggg gagcaggtgg ctgttaaate tctgaagcct gagagtggag gtaaccacat 240
agctgatctg aaaaaggaaa tcgagatctt aaggaacctc tatcatgaga acattgtgaa 300
gtacaaagga atctgcacag aagacggagg aaatggatatt aagctcatca tgggaatttt 360
gccttcggga agccttaagg aatatcttcc aaagaataag aacaaaataa acctcaaaca 420
gcagctaaaa tatgccgttc agatttgtaa ggggatggac tatttggtt ctcggcaata 480
cgcttcaccgg gacttggcag caagaaatgt ccttggtgag agtgaacacc aagtgaataa 540
tgagagacttc ggtttaacca aagcaattga aaccgataag gagtattaca ccgtcaaggga 600
tgaccgggac agccctgtgt tttggtatgc tccagaatgt ttaatgcaat ctaaatttta 660
tattgacctc gacgtctggt cttttggagt cactctgcat gagctgctga cttactgtga 720
ttcagattct agtcccatgg ctttggttcc gaaaatgata ggcccaaccc atggccagat 780
gacagtcaca agacttgtga atacgttaaa agaaggaaaa cgcttgccgt gccaccta 840
ctgtccagat gaggtttatc aacttatgag gaaatgctgg gaattccaac catccaatcg 900
gacaagcttt cagaacctta ttgaaggatt tgaagcactt ttaaaataag aagcatgaat 960
aacattttaa tccacagat tatcaagctc ttctcctgca acaaatgccc aagtcatttt 1020
ttaaaaattt ctaatgaaag aagtttgtgt tctgtccaaa aagtcactga actcatactt 1080
cagtacatat acatgtataa ggcacactgt agtgcttaat atgtgtaagg acttcctctt 1140
taaatttggg accagtaact tagtgacaca taatgacaac caaaatattt gaaagcactt 1200
aagcactcct ccttggtgaa agaataacc accatttcac ctggctagtt caccatcacal 1260
actgcattac caaaagggga tttttgaaaa cgaggagttg accaaaataa tatctgaaga 1320
tgattgcttt tccctgctgc cagctgatct gaaatgtttt gctggcacat taatcataga 1380
taaagaaaga ttgatggact tagccctcaa atttcagtat ctatacagta ctagaccatg 1440
cattctttaa atattagata ccaggtagta tatattgttt ctgtacaaaa atgactgtat 1500
tctctacca gtaggactta aactttgttt ctccagtggc ttagctcctg ttcctttggg 1560
tgatcactag caccattttt tgagaaagct ggttctacat ggggggtag ctgtggaata 1620
gataatttgc tgcattgtta ttaattctca agaactaagc ctgtgccagt gctttcctaa 1680
gcagtatacc tttaatcaga actcattccc agaacctgga tgctattaca catgctttta 1740
agaaacgtca atgtatatcc ttttataact ctaccacttt ggggcaagct attccagcac 1800
tggttttgaa tgctgtatgc aaccagtctg aataccacat acgctgcact gttcttagag 1860
ggtttccata cttaccaccg atctacaagg gttgatccct gttttttacca tcaatcatca 1920
ccctgtggtg caacacttga aagacccggc tagaggcact atggacttca ggatccacta 1980
gacagttttc agtttgcttg gaggtagctg ggtaatcaaa aatgttttagt cattgattca 2040
atgtgaacga ttacggtctt tatgaccaag agtctgaaaa tctttttgtt atgctgttta 2100
gtattcgctt gatattgtta cttttcacct gttgagccca aattcaggat tggttcagtg 2160
gcagcaatga agttgccatt taaatttgtt catagcctac atcaccaagg tctctgtgtc 2220
aaacctgtgg ccactctata tgcactttgt ttactcttta tacaataaa tatactaaag 2280
actttaaaag agaagagaaa aaagaaaaga aaaaaaaaag ggggaag 2327

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 911 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23 :

```

ccgggattgg ctgcgggcct cgcgaccctc ctgcttccct ccccgccccg cgcgcctct 60
ctggtttgtg cgcgcgtcgc aggtcgcagg cctctttgtc agctggagtt gcgcgggctg 120
acgcgccact atgtagcggg ttctgggcgg gccacgcgtg cgggacagga acccaacccc 180
agccgacctt gagctccagg agttcgtctc ttacgtctgc ggaagtgcag ctgcctcagt 240
tcttagcgca ggttgacaac tacaggcaca agccattgaa gctggaatgt cctggtgctg 300
gtatttcaat tgacttaagc caactatccc ttcagttaca ataggaaaat gcctctaata 360
aggccaaata tgcgtactaa ctgttagcaa ccacgtgtcc gtgcagtgcc acaggagcta 420
gagcagtgc aatgctggtg gcaacagggc agtgtagcag gtgcttcatt ttcacctttt 480
caaccttttc atttaattgt cacaactcgg aggtggattc tgttagggac aggtgcccc 540
aggaccactc cgcgcccgct aactcaatgc agctgacctt taccctgaat actctgcagc 600
tgcattcctg aaccgttatc taggcgctat agcaaggcca ccagacttgc tacaccgaag 660
ccctctgggt ggcacggggg aggtcatgag aaacgtggat tacacccctt tgtaaattcc 720
tattttcaca agataatata ttgtaagccg gtcattgagat tatatgtggt aaagttaatt 780
gactaacaac cccagggtct ctctccccc taaaaacccc tcattttgta agctcagggc 840
tgccacctcc gactggtgga gaagcctggc aggttaataa acttacttgg cctgaaaagg 900
gaaaagcaag a 911

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24 :

```

cccacgcgct cggccaggat actgcgagta tggcggcgct aaaggtgaag caggacatgc 60
ctccgccggg gggctatggg cccatcgact acaaacggaa cttgccgcgt cgaggactgt 120
cgggctacag catgctggcc atagggattg gaaccctgat ctacgggcac tggagcataa 180
tgaagtggaa ccgtgagcgc aggcgcctac aaatcgagga cttcgaggct cgcacgcgc 240
tgttgccact gttacaggca gaaaccgacc ggaggacctt gcagatgctt cgggagaacc 300
tggaggagga ggccatcatc atgaaggacg tgcccgactg gaaggtgggg gagtctgtgt 360
tccacacaac ccgctgggtg ccccccttga tcggggagct gtacgggctg cgcaccacag 420
aggaggctct ccattgccagc cacggcttca tgtggtacac gtaggccttg tgccctccgg 480
ccacctggat ccttgccctt cccactggg acggaataaa tgctctgcag acctggaaaa 540
aagaaaggag gacaagaaaa aacggggggtc agaagggaga gagtgggccc ccgta 595

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 886 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```

ctcagtatta agcaacagaa aatgagactc atcgtagact cagcatagac ccatcacaga 60
cctgtcagag gccgattgta agctcgctgt agacccatga tagcagaccc gtagtcaacta 120
gcactggatc aaatgcaagc ttataaagca ttggacacct caagtctagt cggcgagcag 180
gtcacaaget acctaaactaa gaagtttgct gaactacgca gcccgaatga gttcaagggtg 240
tacatggggc acggtgggaa gccctgggtc tccgacttca gtcaccctca ttacctggct 300
gggagaagag ccattgaagac agtttttggt gttgagccag acttgaccag ggaaggcggc 360
agtattcccc tgaccttgac ctttcaggag gccacgggca agaacgtcat gctgctgcct 420
gtgggggtcag cggatgacgg agcccaactcc cagaatgaaa agctcaacag gtataactac 480
atagagggaa ccaagatgct ggccgcgtac ctgtatgagg tctcccagct gaaggactag 540
gccaaagccct ctgtgtgcca tctccaatga gaaggaaatcc tgccctcaac tcaccttttt 600
ccaacttgcc caggggaagtg gaggttcctt ctttcctttt cctcttgta ggatcatccat 660
gacttttaga aacagacaca agtgtatcca gctgtccacg ggtggagcta cccgttgggc 720
ttatgagtga cctggagtga cagctgagtc accctgggta agttctcaga gtggtcagga 780
tggcttgacc tgcagaagat acccaaggtc caaaagcaca aggtctgcgg aaagtctctg 840
ttgtcggctg ggcaccacgg ctcacaccta taatcgagca tttggg 886

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

ttaaaaaaaaaa aaccgcctgg tcttgggggtc cattaaaccc atggaacttc actatcccca 60
gttagccgtc ccagcgggtt aagtggacct ccaagtgtat ggctttatgg tttatggccg 120
ggttcaggcc cttaataaag tgtaattatg tattaccagc aggggtgttt taactgtgac 180
tattgtataa aaacaaatct tgatatccag aagcacatga agtttgcaac ttccaccct 240
gcccattttt gtaaaactgc agtcattctg gaccttttaa aacacaaatt ttaaaactca 300
ccaagctgtg ataagtggaa tggttactgt ttatactgtg gtatgttttt gattacagca 360
gataatgctt tcttttccag tcttctttga gaataaagga aaaaaaatct tcagatgcaa 420
tgggtttgtg tagcatcttg tctatcatgt tttgtaaata ctggagaagc ttgaccaat 480
ttgacttaga gatggaatgt aactttgctt acaaaaaattg ctattaaact cctgcttaag 540
gtgttctaata tttctgtgag cacactaaaa gcgaaaaata aatgtgaata aaatgtacaa 600
atttgttgtg tttttttatg ttctaataat actgagactt ctagggtctta ggtaattttt 660
taggaagatc ttgcatgcca tcaggagtaa attttattgt ggttcttaat ctgaagtttt 720
caagctctga aattcataat ccgcagtgtc agattacgta gaggaagatc ttacaacatt 780
ccatgtcaaa tctgttacca tttattggca tttagttttc atttaagaat tgaacataat 840
tatttttatt gtagctatat agcatgtcag attaaatcat ttacaacaaa aggggtgtga 900
acctaagact atttaaattgt cttatgagaa aatttcataa agccattctc ttgtcattca 960
gggccagaaa caaattttta actgagtgtg agtctataga atccatactg cagatgggtc 1020
atgaaaatgtg accaaatgtg tttcaaaaat tgatgggtgt ttacctgcta ttgtaattgc 1080
ttagtgcttg gctaatttcc aaattattgc ataatatgtt ctaccttaag aaaacagggt 1140
tatgtaacaa agtaatgggt ttgaatggat gatgtcagtt catgggcctt tagcatagtt 1200
ttaagcatcc tttttttttg aaagtgttga aagtgtgtta gcattctgtt actcaaagg 1260
taagacagac aataataact cactgaatat taataatctt tactagttaa cctcctctgc 1320
tctttgccac ccgataactg gatattcttt ccttcaaagg accctaaact gattgaaatt 1380
taagatatgt atcaaaaaca ttatttcatt taatgcacat ctgttttgct gtttttgagc 1440
agtgtgcagt ttagggttca tgataaatca ttgaaccaca tgtgtaacaa ctgaatgccal 1500
aatcttaaac tcattagaaa aataacaaat taggttttga cagcattct taattggaat 1560
aatggatcaa aaatagtggg tcatgacctt accaaacacc cttgtacta ataaaatcaal 1620
ataacactta gaagggtatg tttttttagt tagggtttct tgatcttggg ggatgtttgal 1680

```

```

aagttaaaaa ttgaatttgg taaccaaaagg actgatttat ggggtctttcc tatcttaacc1740
aacgttttct tagttacctt gatggccaag tacagtgcct ggtatgtagt aagactcagt1800
aaaaaaagtgg atttttaaaa ataactccca aagtgaatag tcaaaaatcc tgtagcaaa1860
ctgttatata ttgctaagtt tgtcttttta acagctggaa tttattaaga tgcattattt1920
tgattttatt cactgcctaa aacactttgg gtggtattga tggagttggt ggattttcct1980
ccaagtgatt aaatgaaatt tgacgtatct ttcatccaa agttttgtac atcatgttt2040
ctaacggaaa aaaatgttaa tatggctttt ttgtattact aaaaatagct ttgagattaa2100
ggaaaaataa ataactcttg tacagttcag tattgtctat taaatctgta ttggcagtat2160
gtataatggc atttgctgtg gttacaaaat acttcctctg gggtataata atcatttgat2220
ccaattccta ttgcttgtaa aataaagttt taccagttga tataaaaaaa aaa 2273

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1574 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

gctctctgct ccggtgcagg cgcgcagggc gccctgggct gggagcaacg cgactgaccg 60
tggtcgtggg cggacggcgg ctgcagcgtg gaggagctgg ggtcgcgtgt ggtcgcgaac 120
agagcccggg acgtgcgcgc ttggtgcacg atcctgaagg ggagctccga ggggcccggg 180
tcgccagggc tgctgcggcc attcccggag ccggcgcggg ggcccgcgag atactggttt 240
aggcgtccc agggctccgg gcgcacccgg tggccgctgc tgcagcggag ggagcgcggc 300
ggcgcggggg gctcggagac agcgtttctc ccggaagtct tcctcgggca gcaggtggga 360
agtgggagcc ggagcggcag ctggcagcgt tctctccgca ggtcggcacc atgcgccctg 420
cagccctgcg cggggccctg ctgggctgcc tctgcctggc gttgctttgc ctgggcggtg 480
cggacaagcg cctgcgtgac aaccatgagt ggaaaaaact aattatggtt cagcactggc 540
ctgagacagt atgcgagaaa attcaaaacg actgtagaga cctccggat tactggacaa 600
tacatggact atggcccgat aaaagtgaag gatgtaatag atcgtggccc ttcaatttag 660
aagagattaa ggatcttttg ccagaaatga gggcatactg gctgacgta attcactcgt 720
ttcccaatcg cagccgcttc tggaagcatg agtgggaaaa gcatgggacc tgcgcgcgcc 780
aggtggatgc gctcaactcc cagaagaagt actttggcag aagcctggaa ctctacaggg 840
agctggacct caacagtgtg cttctaaaat tggggataaa accatccatc aattactacc 900
aagttgcaga ttttaaagat gcccttgcca gagtatatgg agtgataccc aaaatccagt 960

```



```

gccttcacc aagccaggat caggaaqtac agacaattgg tcagatagaa ctgtgcctca1020
ctaagcaaga ccaqcagctg caaaactgca ccgagccggg ggagcagccg tcccccaagc1080
aggaagtctg gctggcaaat ggggcgcggg agagccgggg tctgagagtc tgtgaagatg1140
gccagctctt ctatccccc cctaaaaaga ccaagcattg atgcccaggt tttggaaata1200
ttctgtttta aaaaqcaaga gaaattcaca aactgcagct ttctaaaaaa caactccaaa1260
gtgaagtctg tttattttgc tgtttccctt ccatgcctgt gaattgggtg ttgtgggtccc1320
tgtagagtga gtgcatgtgg cgtacacggg gggaaaaggag ctctgccacg cctgggtggc1380
tgttttgggc ttgggataaa ggtcgcggga ttgtttagggt ttttttctct gttaaactct1440
tcagtgcctg ggtagatcag gcagggatac ttgggattta gacagggtggc accgggttcag1500
ggggactccg ctgggcggag gttttccccc tgggagccgg cttgcctgct ttggggaagg1560
ggccctggga aggc

```

1574

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3070 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```

ccggagtgtg ttaaatcggt tctgttctgt cctctccacc acccccaccc cctccctccc 60
ggtgtgtgtg ccgctgccgc gcgaccgccg agcctcgta gcctgcgcag cccctcacag 120
gaggccagc ccgagtgcag tccagaagcc ccccagcgg aggcgccaga gtaaaagagc 180
aagcttttgt gagataatcg aagaactttt ctcccccggt tgtttgttgg agtgggtgcca 240
ggtactgggt ttggagaact tgtctacaac cagggtattga ttttaaagat gtcttttttt 300
attttacttt tttttaagca ccaaattttg ttgttttttt tttttctccc ctccccacag 360
atcccatctc aaatcattct gttaaccacc attccaacag gtcgaggaga gcttaaacac 420
cttcttcttc tgccttgttt ctcttttatt ttttattttt tcgcatcagt attaatgttt 480
ttgcatactt tgcactttta ttcaaaagtg taaactttct ttgtcaatct atggacatgc 540
ccatatatga aggagatggg tgggtcaaaa agggatatca aatgaagtga taggggtcac 600
aatggggaaa ttgaagtggg gcataacatt gccaaaatag tgtgccacta gaaatggtgt 660
aaaggctctt tttttttttt ttaaaaagaaa agttattacc atgtattttg tgaggcaggt 720
ttacaacact acaagtcttg agttaagaag gaaagaggaa aaaaqaaaaa acaccaatcc 780
ccagatttaa aaaaaaaaaa acgatcatag tcttaggagt tcatttaaac cataggaact 840
tttcaacttat ctcatgttag ctgtaccagt cagtgtattaa gtagaactac aagttgtata 900

```

```

ggcttttattg tttatttgctg gtttatgacc ttaataaaagt gtaatttatgt attaccagca 960
gggtgtttttt aactgtgact attgtataaa aacaaatctt gatatccaga agcacatgaa1020
gtttgcaact ttccaccctg cccatttttg taaaactgca gtcactcttg acctttttaa1080
acacaaaattt taaactcaac caagctgtga taagtggaaat ggttactgtt tatactgtgg1140
tatgttttttg attacagcag ataatgcttt cttttccagt cgtctttgag aataaaggaa1200
aaaaaatctt cagatgcaat ggttttgggt agcatcttgr ctatcaggtt ttgtataaac1260
tggagaagct ttgaccaatt tgacttagag atggaatgta actttgctta caaaaattgc1320
tattaaactc ctgcttaagg tgttctaatt ttctgtgagc acactaaaag cgaaaaataa1380
atgtgaataa aatgtaaaaa attgtttgtgt ttttttatgt tctaataata ctgagacttc1440
taggtcttag gtttaattttt aggaagatct tgcatgccat caggagtaaa ttttattgtg1500
gttcttaate tgaagttttc aagctctgaa attcataatc cgcagtgtca gattacgtag1560
aggaagatct tacaacattc catgtcaaatt ctgttaccat ttattggcat ttagttttca1620
tttaagaatt gaacataatt attttttattg tagctatata gcatgtcaga tttaatcatt1680
tacaacaaaa ggggtgtgaa cctaagacta tttaaatgtc ttatgagaaa atttcataaa1740
gccattctct tgcatttcag gtccagaaac aaatttttaa ctgagtga ga gtctataga1800
tccatactgc agatgggtca tgaatgtga ccaaagtgtt ttcaaaaatt gatgggtgat1860
tacctgctat tgaattgct tagtgcttgg ctaatttcca aattattgca taatatgttc1920
taccttaaga aaacagggtt atgtaacaaa gtaatgggtg tgaatggatg atgtcagttc1980
atgggccttt agcatagttt taagcatcct tttttttttt tttttgaaag tgtgttagca2040
tcttgttact caaaggataa gacagacaat aatacttcac tgaattattt taatctttac2100
tagtttacct cctctgctct ttgccaccgg ataactggat atcttttctt tcaaaggacc2160
ctaaactgat tgaattttaa gatatgtatc aaaaacatta tttcatttta tgcacatctg2220
ttttgctgtt tttagcagt gtgcagttta gggttcatga taaatcattg aaccacatgt2280
gtaacaactg aatgccaaat cttaaactca ttagaaaaat aacaaattag gttttgacac2340
gcattcttaa ttggaataat ggatcaaaaa tagtggttca tgaccttacc aaacaccctt2400
gctactaata aaatcaaata acacttagaa gggatatgat ttttagttag ggtttcttga2460
tcttgaggga tgtttgaaag ttaaaaaattg aatttggtta ccaaaggact gatttatggg2520
tctttcctat cttaaccaac gttttcttag ttacctagat ggccaagtac agtgccctgg2580
atgtagtaag actcagtaaa aaagtggatt tttaaaaata actcccaaag tgaatagtca2640
aaaatcctgt tagcaaaactg ttatatattg ctaagtttgt tcttttaaca gctggaattt2700
attaagatgc attattttga ttttattcac tgccataaac actttgggtg gtattgatgg2760
agttgggtgga ttttcttcca agtgattaaa tgaaatttga cgtatctttt catccaaagt2820
tttgtagatc atgttttcta acggaaaaaa atgttaatat ggcttttttg tattactaaa2880
aatagctttg agattaagga aaaataaata actcttgtag agttcagtat tgtctattaa2940
atctgtattg gcagtatgta taatggcatt tgctgtgggt acaaaaatac tccctctggg3000
tataataatc atttgatcca attcctattg cttgtaaaat aaagttttac cagttgatat3060
aaaaaaaaaa

```

3070

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 31 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2751 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```
tggggctgga gtgcactagt ctttttgctt ggtagttttg catggtttag ggtaaaaaat 60
aattecgaaq atacaccagc tcacaaatga aaacgtcagc ctctgcgcca cctccctcc 120
tgcccaaaagt gaatttggtg ctacagaaaag aactgtttat accactcacc tttctcccag 180
catgtactca ctgtgggcag atgcaccaat acatggtaat cctcttactc attttaagac 240
gtaggaaact caatattctt ctctaaccat atacgatagg gctcttcgct tttaatgata 300
tctgggattt ctgtggaact tggcaaat ttcagagcacc ttcactcaca taatgtcatt 360
tgaacctcac aatgttcttg ggatggagtc agttgttcag ggtccccgtg tgtgtgataa 420
gcagtgtctg ctggctgtct tcagaactct tggaaatctt tacacatgcy agtgetaacc 480
actttgagca aggctgcctt cttgtagatg acttgcctgt ctttatgaca gggatcagtg 540
gcatttggtt cctagcagta tttagcacct ttttgccacc ttggtgaaca gaaaattgta 600
ttttctctgc tttcatggct gaaaacaaaa gtaatgggaa ttttaaatac gtttgacagaa 660
actccccctc cctcattga gggtcactgc tcaagagtgc aggagtggac tctccactga 720
tgggtctccc tcccacctt ggtttccacc ccgggtctgc tagctctgtt ggtttgaaga 780
ctgacagcca gcctggctca ttctcattat tgctagtta gctttcttta tcaacctgct 840
cactcacaaa tgtgtgcctt cagccagaga gtaagaaagc ccaaactctgt tacagcttct 900
aaaaaaatag atttctaatt tgcctactc atgttaggag cattatcttt gaaggtaaaa 960
catagtgtat cattgtgtaa actcccaggc ttgatgtagc agaagagatc atttctggag 1020
gcttcagcaa tggaaatttag cattataaga gagattggac aaaccagtc aaagtgggtcc 1080
gagttcttaa atccaggtag ggaactcact cttctttctt ctctggacct aattgggcat 1140
tgggctttag tgagaccaca gaccaggccc gtctctctct taggctttta attcaatggc 1200
aactctat tcaaagaataa aagcctttgg agagttgcgg cagttctggg ggcgggctca 1260
ggagagtcca tagatcagcc gtaactggaa cgtagaatct acgtctgcct ctgaatggac 1320
tccccacctc ctctctcttg ctctgatgct tgcctctggg cctctccatg cccaagggtg 1380
tctttcctcc ttgacaggct ggtaatgtgc tggccacctc cagctcctgc atcagagtct 1440
taaacacagag ctggttctca tggccttctt cacgatacca ggatacggag gggagcccag 1500
ggccatccat acccacccca gggtaacggg gctggccttg cattagtcac tatttagttt 1560
ccaggccaac catccagata gagattcctt ctttcttttg agcagtgtc tcaagagctc 1620
cgtgcctgtc cacaatgacc tagagtgcac cctgtctcatt gtcagtgtag cccctcgccc 1680
ctatattcat ccaggatact tggaaagtgt aaaataggaa gggattcggc tttcaacttt 1740
gctaccatct tccctgaagc aggaaaatga acatggactt aaatgttctt tgaaaaaacc 1800
aaagttttaa gatttgctgt gtgatgaagt gacagggagg gccggagtca gcagggtgcc 1860
gactttctgt tctgtctgcc atgggtttgt ccagctcagg tagctctagg agcaccatcc 1920
tgccctagca gagcccaggc cttgccctca tgaagcatca ttgaaatagc aggagcatgt 1980
tgatttcttg gttaggttgc attataataa caagagtcag aacattaatt cgaacaact 2040
tgacagtgc atttcttcac accagtacat tcttaagtgt acttgtttat aaggaataac 2100
ataaactaat ctgtacctt atatatatgt gtgtgtacat atatacatat ataaactgta 2160
tagtgtacat ggtaatgatt tattgtctatg cccagatcc ttaatgtagt tctcctctc 2220
cgcctgcctt cagccacaag cgggtgactg actgttccct gatgatttgg cccacctcct 2280
gtgtttggac ctctagggag gagggttttg gtcatactct ccttatcctc gtgcacagaa 2340
atgctcaggg tccccatgtg cctgttgctt agccctctct cttgttccct ttctgagcat 2400
gtggtccttc cccaggctgt gggacagctg ccttcccacg aaagtgtaaa gcagtattaa 2460
gatcattact gcattgtccc taaaaaccca agttttctat tcccttagga cagaaaattg 2520
catgtgaggt gggataatcg agtttcagtg acccacgtca gttacacatt aaagccagac 2580
cccatgataa aattccacaa aatggaaata aaactcaaat ttctttagca ttgtgtaaat 2640
aaatctgaat gtgtttaact ttgtactggg aattttctgt atatttggaa tatttgggtt 2700
aaaaataaaa cagactggac tttgttacct gacctactga aaaaaaaaaa 2751
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

~~(A) LÄNGE: 899 Basenpaare~~

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggcggcgggg aggggggggg cggatgcggg gacagcggcc tggctaactc ctgccaggca 60
gtgcccttcc cggagcgtgc cctcgccgct gagctccccc gaacagcagc tgcagcagcc 120
atggccccgc cctgggtgcc cggcatgggc ttcacgctgg cgcccagcct ggggtgcttc 180
gtgggctccc gctttgtcca cggcgagggt ctccgctggt acgcccggcct gcagaagccc 240
tcgtggcaac cgccccactg ggtgctgggc cctgtctggg gcacgctcta ctcagccatg 300
gggtacggct cctacctggt ctggaaagag ctgggaggct tcacagagaa ggctgtgggt 360
cccctgggac tctacactgg gcagctggcc ctgaactggg catggcccc catcttcttt 420
ggtgcccagc aaatgggctg ggccctgggt gatctcctgc tggtcagtgg ggcgggcgca 480
gcactaccgt ggccctggta cagggtgagc cgctggccgc ccgctgctc taccctacc 540
tggcctggct ggccctcgcg accacactca actactgcgt atggcgggac aaccatggct 600
ggcgtggggg acggcggtg ccagagttag tgcccggccc accagggaact gcagctgcac 660
cagcaggtgc catcacgctt gtgatgtggt ggccgtcacg ctttcatgac cactgggcct 720
gctagtctgt cagggccttg gccaggggt cagcagagct tcagaggtgg cccacacctga 780
gccccacccc gggagcagtg tctgtgctt tctgcatgct tagagcatgt tcttgggaaca 840
tgggaatttta taagctgaat aaagtttttg acttccttta aaaaaaaaaa 890

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 693 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```
cgctcctttca tccggggcgtt tgcctgcagc aaqatggcgg cggctctcaat gtcactggta 60
ctgagacaga ccttgtggcg gagaaggcca gtggctgtag ctgcccttcc cgtttccagg 120
gttcccaacca ggctgttgag gacttccaca tggagattgg cacaggacca gactcaagac 180
acacaactca taacagttga tgaaaaattg gatataccta ctttaactgg cgttccagaa 240
gagcatataa aaactagaaa agtcaggatc tttgttcctg ctgcgaataa catgcagtct 300
ggagtaaaca acacaaagaa atggaagatg gagtttgata ccaggggagcg atgggaaaat 360
cctttgatgg gttgggcac aacggctgat cccttatcca acatggttct aaccttcagt 420
actaaagaag atgcagtttc ctttgcagaa aaaaatggat ggagctatga cattgaagag 480
aggaagggtt caaaacccaa gtccaagtct tatgggtgcaa acttttcttg gaacaaaaga 540
acaagagtat ccacaaaata ggttggcact gactatatct ctgcttgact gtgaataaaag 600
tcagctatgc agtatattata gtccatgtat aataaataca tctcttaate tcctaataaa 660
ttggaccttt aaactacaaa aaaaaaaaaa aaa 693
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1054 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```

gcagctcagc cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 60
gcagctcagc cgactgctgc agccggcgct gggcccaggc accaccgcgg tgctgctgct 120
ccgagtgggt caagtggagc tggggccagc ccggcgccgc agggccccgc gctcctccgg 180
gacgccttct tccctcagca ccgacactcc gctcaccggg acccctgca cccctacgcc 240
gtcccttggc agtccctccat gccccagtc cgacaacggc tcgggctcgg ctctcgcgcc 300
cgcagagggc ctgccccctct agtccctgggt cggggccctg cccatgggggt ctcaggccag 360
gtctctgctg gcagagggcg tagtaaagtc cctgtacccc gtctcccagg gcacaagctc 420
cctagcctct ttggatccat tgccccctgag ctcccagagt gaccccccca cctccgcagc 480
cagtgaagtg tgttgtgctt gctgaagtga tcaccccccg cccccagccc tgcacaggc 540
cacaggctct ggctttctcc ttatcaccat ttgctgttat cacggcacac agcagggaat 600
cccaggcccc ccgcaccaag gttaacccaa gtcaccactc ctgacccaaa aatcaggcat 660
ggcattaaaa cgttgcaaat tcctttactg ttatcccccc caccaccagg accatgtagg 720
gtgcagtctt tactccctaa ccgctttccc gaaaaagggt ctacctctt tccagacaga 780
tgagagaggg caggacttca ggctggatcc accactgggc tctccctccc ccagcctgga 840
gcacgggagg ggaggtgacg gctgggtgact gatggatggg tagtgggctg agaagagggg 900
actaggaagg gctattccag gctcagccct gctcctgcag ctttgccgct gagtgttagg 960
aaaacaggca tgacagacca ggtgaggggt tgtgcccagc tggggccacg ccatgcgtgg 1020
ggtggcccaa taaacaccgt ggactcccaa aaaa 1054

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 541 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

aaaaatatTT gctggaaaagg acgggtgggag gattacaggc gtgagccact gcgccccggc 60
acattcagtt cttatcaaaag aaataaccca gacttaattct tgaatgatac gattatgccc 120
aatattaagt aaaaaatata agaaaagggtt atcttaaata gatcttaggc aaaataccag 180
ctgatgaagg catctgatgc ctccatctgt tcagtcattct ccaaaaaacag taaaaataac 240
cactttttgt tgggcaatat gaaattttta aaggagtaga ataccaaatg atagaaacag 300
actgcctgaa ttgagaattt tgatttttta aagtgtgttt ctttctaaat tgctgttctt 360

```

```

taatttgatt aatttaattc atgtattatg attaaatctg aggcagatga gcttacaagt 420
attgaaataa ttactaatta atcacaaatg tgaagtattg catgatgtaa aaaatacaaa 480
cattctaatt aaaggctttg caacacaaaa gaaagaaaaa aagaaaagaa aaggggaaagg 540
3 541

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cggtctgagg ccattcacca acccggcccg caaggacgga gcaatgtttct tccactggcg 60
acgtgcagcg gaggagggca aggactaccc ctttgccagg ttcaataaga ctgtgcaggt 120
gcctgtgtac tcggagcagg agtaccagct ttatctccac gatgatgctt ggactaaggc 180
agaaactgac cacctctttg acctcagccg ccgctttgac ctgcgttttg ttgttatcca 240
tgaccggtat gaccaccagc agttcaagaa gcgttctgtg gaagacctga aggagcggta 300
ctaccacatc tgtgctaagc ttgccaacgt gcgggctgtg ccaggcacag accttaagat 360
accagtattt gatgctgggc acgaacgacg gcggaaggaa cagcttgagc gtctctacaa 420
ccggacccca gagcaggtgg cagaggagga gtacctgcta caggagctgc gcaagattga 480
ggcccgggaag aaggagcggg agaaacgcag ccaggacctg cagaagctga tcacagcggc 540
agacaccact gcagagcagc ggcgcacgga acgcaaggcc cccaaaaaga agctacccca 600
gaaaaaggag gctgagaagc cggctgttcc tgagactgca ggcatacaagt ttccagactt 660
caagtctgca ggtgtcacgc tgcggagcca acggatgaag ctgccaaagt ctgtgggaca 720
gaagaagatc aaggccctgg aacagatgct gctggagctt ggtgtggagc tgagcccagc 780
acctacggag gagctggtgc acatgttcaa tgagctgcga aggacctggt gctgctctac 840
gagctcaagc aggcctgtgc caactgcgag tatgagctgc agatgctgcg gcaccgtcat 900
gaggcaactg gccgggctgg tgtgctaggg ggccctgcc aaccagcatc aggccaggc 960
ccggcctctg ctgagccggc agtgactgaa cccggacttg gtcctgacct caaggacacc 1020
atcattgatg tgggtggcgc acccctcacg cccaattcga gaaagcgacg ggagtcggcc 1080
tccagctcat cttccgtgaa gaaagccaag aagccgtgag agggcccacg ggggtgtggc 1140
gacgctgtta tgtaaataga gctgctgagt tggaaaaaaa aaaaaaa 1187

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

~~(C) STRANG: Einzel~~

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
gggtagaagt cggtagagcc agaaactcac ttttgatggt ggtgtgcccc tagtggcgag 60
ctggattcta aatcgtgccc ttattccct gcagccctga agttcagtc atcttgaaga 120
tctcccaacc tcaggagcct gagcttatga atgccaaacc ttctcctcca ccaagtcctt 180
ctcagcaaat caaccttggc ccgtcgtcca atcctcatgc taaaccatct gactttcact 240
tcttgaaagt gatcggaag ggcagttttg gaaagggtct tctagcaaga cacaaggcag 300
aagaagtgtt ctatgcagtc aaagttttac agaagaaagc aatcctgaaa aagaaagagg 360
agaagcatat tatgtcggag cggaatgttc tgttgaaagaa tgtgaagcac cctttcctgg 420
tgggccttca cttctctttc cagactgctg acaaattgta ctttgtccta gactacatta 480
atggtggaga gttgttctac catctccaga gggaacgctg cttcctggaa ccacgggctc 540
gtttctatgc tgctgaaata gccagtgcct tgggctacct gcattcactg aacatcgttt 600
atagagactt aaaaccagag aatattttgc tagattcaca gggacacatt gtccttactg 660
acttcggact ctgcaaggag aacattgaac acaacagcac aacatccacc ttctgtggca 720
cgccggagta tctcgcacct gaggtgcttc ataagcagcc ttatgacagg actgtggact 780
ggtggtgcct gggagctgtc ttgtatgaga tgctgtatgg cctgccgctt ttttatagcc 840
gaaacacagc tgaaatgtac gacaacattc tgaacaagcc tctccagctg aaaccaaata 900
ttacaaatcc cgcaagacac ctcttgagg gctcctgca gaaggacagg acaaagcggc 960
tcggggccaa ggatgacttc atggagatta agagtcatgt cttcttctcc ttaattaact 1020
gggatgatct cattaataag aagattactc ccccttttaa cccaaatgtg agtgggcccc 1080
acgacctacg gcactttgac ccgagttta ccgaagagcc tgtccccaac tccattggca 1140
agtccctga cagcgtcctc gtcacagcca gcgtcaagga agctgccgag gctttcctag 1200
gcttttcta tgcgcctccc acggactctt tctctgaac cctgttaggg cttgggtttt 1260
aaggatttta tgtgtgtttc cgaatgtttt agttagcctt ttggtggagc cgcagctga 1320
caggacatct tacaagagaa tttgcacatc tctggaagct tagcaatctt attgcacact 1380
gttcgctgga agctttttga agagcacatt ctctcagtg agctcatgag gttttcattt 1440
ttattcttcc ttccaacgtg gtgctatctc tgaaacgagc gttagagtgc cgccttagac 1500
ggaggcagga gtttcgttag aaagcggacg ctgttctaaa aaaggtctcc tgcagatctg 1560
tctgggctgt gatgacgaat attatgaaat gtgccttttc tgaagagatt gtgttagctc 1620
caaagctttt cctatcgcag tgtttcagtt ctttattttc cttgttggat atgctgtgtg 1680
aaccgtcgtg tgagtgtggt atgcctgata acagatggat tttgttataa gcatcaatgt 1740
```



```

gacacttgca ggacactaca acgtgggaca ttgtttgttt cttccatatt tggaagataa1800
atztatgtgt agactttttt gtaagatacg gtaataact aaaattttatt gaaatgggtct1860
tgcaatgact cgtattcaga tgcttaaaga aagcattgct gctacaaata tttctatttt1920
tagaaagggg ttttatggac caatgccccca gttgtcagtc agagccgttg gtgtttttca1980
ttgtttaaaa tgtcacctgt aaaatgggca ttatttatgt tttttttttt gcattcctga2040
taattgtatg tattgtataa agaacgtctg tacattgggt tataacacta gtatatttaa2100
acttacaggc ttatttgtaa tgtaaaccac cattttaatg tactgtaatt aacatgggta2160
taatacgtac aatccttccc tcateccatc acacaacttt ttttgtgtgt gataaactga2220
ttttgggttg caataaaacc ttgaaaaata tttaaaaaaa aaaaaaaaaa ggggcgcccg2280
C

```

2281

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:40 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1759 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcgggcgccg ttgaactgac tcggagcgag gagacccgag cgagcagacg cggccctggc 60
gcccgccttg cgcactcacc atggcgatgc atttcattct ctacagataca gcggtgcttc 120
tgtttgattt ctggagtgtc cacagtcctg ctggcatggc cctttcgggtg ttggtgctcc 180
tgcttctggc tgtactgtat gaaggcatca aggttggcaa agccaagctg ctcaaccagg 240
tactggtgaa cctgcccaacc tccatcagcc agcagaccat cgcagagaca gacggggact 300
ctgcaggctc agattcattc cctgttgcca gaaccaccca caggtgggtat ttgtgtcact 360
ttggccagtc tctaattccat gtcattccagg tgggtcatcg ctacttcctc atgctggccg 420
taatgtccta caaacacctg attttccttg gtgtggtctt gggctctgct gtgggctact 480
acctagctta cccacttctc agcacagctt agctggtgag gaacgtgcag gcactgaggc 540
tgaggggaca tggagccccc tcttcagac actatacttc caactgccct ttcttctgat 600
ggctattcct ccaccttatt cccagcccct ggaaactttg agctgaagcc agcacttgct 660
ccctggagtt cggaagccat tgcagcaacc ttccttctca gccagcctac atagggccca 720
ggcatggtct tgtgtcttaa gacagctgct gtgaccaaag ggagaatgga gataacaggg 780
gtggcagggt tactgagccc atgacaatgc ttctctgtga ctcaaaccag gaatttccaa 840
agatttcaag ccagggagaa ggggtcttgg tgatgcaggg catggaacct ggacaccctc 900
agctctcctg ctttgtgcct tatctacagg agcatcgccc attggacttc ctgacctctt 960

```

```

ctgtctttga gggacagaga ccaagctaga tcttttttct cacttttctg cctttggaac1020
acatgaagat catctcgtct atggatcatg ttgacaaact aagttttttt tatttttccc1080
attgaactcc tagttggcaa ttttgacat tcatacaaaa aaatttttaa tgaaatgatt1140
tcattgattc atgatggatg gcagaaactg ctgagacctt tttcccttcc ttggggagag1200
aataagtac agctgattaa aggcagagac acaggactgc tttcaggctc ctggtttatt1260
ctctgataga ctgagctcct tccaccagaa ggcactgcct gcaggagaa gatgatctga1320
tggtcgtggg tgtctgggaa gctcttcgtg gcctcaatgc cctcctttat cctcatcttt1380
cttctatgca gaacaaaaag ctgcatctaa taatgttcaa tacttaatat tctctatttt1440
ttacttactg cttactcgta atgatctagt ggggaaacat gattcattca cttaaaatac1500
tgattaagcc atggcaggta ctgactgaag atgcaatcca accaaagcca ttacattttt1560
tgagttagat gggactctct ggatagttga acctcttcac ttataaaaaa aggaaagaga1620
gaaaatcact gctgtatact aaataacctc cagattagat gaaaagatgg ttgtaagctt1680
tggaatttaa aaacaaacaa atacatttta gtaaatatat aaatttttaa tagaaaaaaa1740
agaaaaaagt agcagggtt

```

1759

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

ggtctacctc tggggataac cgtcccagtt gccagagaaa caataacgtc attattttaat 60
aagtcacatg tgattgggtc gcccttgagg ttaatcttaa aagcccaggt taccgcgga 120
aatttatgct gtccggtcac cgtgacaatg cagctgagga acccagaact acatctgggc 180
tgccgcgttg cgcttcgctt cctggccctc gtttccctggg acatccctgg ggctagagca 240
ctggacaatg gattggcaag gacgcctacc atgggctggc tgcaactggg gcgcttcatt 300
tgcaaccttg actgccagga agagccagat tcctgcatca gtgagaagct cttcatggag 360
atggcagagc tcatggtctc agaaggctgg aaggatgcag gttatgagta cctctgcatt 420
gatgactggt ggatggctcc ccaaagagat tcagaaggca gacttcaggc agaccctcag 480
cgctttcttc atgggattcg ccagctagct aattatgttc acagcaaagg actgaagcta 540
gggatttatg cagatgttgg aaataaaaacc tgcgcaggct tccctgggag ttttggatac 600
tacgacattg atgccagac ctttgctgac tggggagtag atctgctaaa atttgatggt 660
tgttactgtg acagtttgga aaatttgga gatggttata agcacatgtc cttggccctg 720
aataggactg gcagaagcat tgtgtactcc tgtgagtggc ctctttatat gtggcccttt 780

```

```

caaaagccca attatacaga aatccgacag tactgcaatc actggcgaaa ttttgctgac 840
attgatgatt cctggaaaaag tataaagagt atcttggaact ggacatcttt taaccaggag 900
agaattgttg atgttgctgg accagggggt tggaatgacc cagatatgtt agtgattggc 960
aactttggcc tcagctggaa tcagcaagta actcagatgg cctctgggc tatcatggct 1020
gtccttttat tcatgtctaa tgacctccga cacatcagcc ctcaagccaa agctctcctt 1080
caggataaag acgtaattgc catcaatcag gaccccttgg gcaagcaagg gtaccagctt 1140
agacaggag acaactttga agtggtggaa cgacctctct caggcttagc ctgggctgtat 1200
gctatgataa accggcagga gattggtgga cctcgctctt ataccatcgc agttgcttcc 1260
ctgggtaaag gaggggcctg taatcctgcc tgcttcatca cacagctcct cctgtgaaa 1320
aggaagctag ggttctatga atggacttca aggttaagaa gtcacataaa tcccacaggc 1380
actgttttgc ttcagctaga aaatacaatg cagatgtcat taaaagactt actttaaaat 1440
gtttaaa
1447

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

ggagtcacctc ttgctcacc c ttgacttgga aaaaccagtt tctcttttat tgtctgttac 60
taatctctat tctaaaaatt cagctcaatt ctcaaccata ctccaaactc tctcttttcc 120
agctaccttt actccctctc ctccaattcc actttcctct gcttaacttt ttttttttcc 180
tgacagggtc tcactttgtc gcccgggcag gagtgcagtg gctcaatctt gggctcactg 240
cagcctcaac ctcccagagg cggggtttca ccatgttgcc cagactggtc ttgaactcct 300
gagcttaagc aatccacctg cctcggcctc ccaaagtgtt gggatcacag gcgtgagcaa 360
ccgcatccgg cctcatgttc tttttcatta aagagagaaa tcaactattc aggaccggcc 420
cccacctttc ctcaggagtc atttctgttc cgcacaggcc tgctgaactg ggtgctttat 480
ataggatttc agtggagtga agttcaggag gcatggagct gacaaccatg aggcctcggc 540
agccaccgcc accaccgcc cgcgccacc cgtagcagca gcagcagcag cagcagcagc 600
agcagcagca gcaagagtaa ctctgactta ggaatagaga cagccagaga gaaatgtgat 660
caatgaagga gacatctgga gtgtgcgtgc ttcttcagag ggcagggtga tgggcagatt 720
ggaaaaagca ccgcagatgg gaaccttaat ctttcttttc taaaattgat gctatgaaaa 780
tttgcgtttt ctgtaacttg taaaaactaa aagttgcccg tctactgaaa a 831

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 528 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```

acgaagctga ctccctggcca ggccagccccc tggttcccta cccataccccc tgtgagcttg 60
cgcagctcac gccttacctc cctccctctg gtctgcagat ctctcacttc aagattccga 120
agtacatcgt gtttgtcaca aactaccccc tcaccatttc aggaaagatc cagaaattca 180
aacttcgaga gcagatggaa cgacatctaa atctgtgaat aaagcagcag gcctgtcctg 240
gccggttggc ttgactctct cctgtcagaa tgcaacctgg ctttatgcac ctagatgtcc 300
ccagcaccca gttctgagcc aggcacatca aatgtcaagg aattgactga acgaactaag 360
agtcctctga tgggtccggg aactcgcctg ggcaacaagg gccaaaaggc aggcagcctg 420
cccaggccct cctcctctgc cctccccac attcccctgt ctgtccttgt gatttggcat 480
aaagagcttc tgttttcttt ggctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 528

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1027 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:44 :

```

ggttttgtaa tttgtctctg ctcctcgtgg accatgggac cttaaagcgt tgcagggttc 60
tgatttggac agaggtgtgg ggccttcacg gccgttacat acctcctgcc aattctctaa 120
ctctctgaga ctgcgaggat ctccaggcag ggttctcacc tctggagtct gaccaattac 180
ttcattttgc ttcaaattggc caattgtgca gagggacaaa gccacagcca cactcttcaa 240
cggttaccaa actgtttttg gaaattcaca ccaaggctcg gccactgca ggcagctggc 300
acacgtggcc cgaggggctg tggaaacgggt cccggaactg tcagacatgt ttgattttag 360
cgtttctctt gttcttcaaa tcaggtgccc aaataagtga tcagcacagc tgcttccaaa 420
taggagaaac cataaaatag gatgaaaatc aagtaaaatg caaagatgtc cacactgttt 480
taaaacttgac cctgatgaaa atgtgagcac tgttagcaga tgcctatggg agaggaaaag 540
cgtatctgaa aatggtccag gacaggagga tgaaatgaga tccagagctc ctcacacctg 600
aatgaattat acatgtgcct taccagggtg gtggtcttcc gaagataaaa aactctagtc 660
ccttttaaag tttgcccctg gcgttctcta agtacgaaaa ggtttttaag tcttcgaaca 720
gtctcctttc atgactttta caggattctg ccccctgagg tgtaattttt ttgttctatt 780
tttttccacg tactccacag ccaacatcac gaggtgtaat ttttaatttg atcagaactg 840
ttaccaaaaa acaactgtca gttttattga gatgggaaaa atgtaaacct atttttatta 900
cttaagactt tatgggagag attagacact ggaggttttt aacagaacgt gtatttatta 960
atgttcaaaa cactggaatt acaaattgaga agagtctaca ataaattaag atttttgaat 1020
ttaaaaaa                                     1027

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2160 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45 :

```

acttccctcca agtgataatc cagatttttga tccagaagag gatgaaccac gcttgaggcc 60
tcttggcctc acatacagtt ggtatatgaa ttcttcttga gatttttgga gagccctgat 120
tctcagctca gatttgcaaa atgatacatt gatcagaatt tegtataaca gctcttgagg 180
ctttttgata gtgaagatcc cagagaacgt gacttcctga agactgttct gcaccgaatt 240
tatgggaaat ttcttggaat aagagcattc atcagaaaac aaattaacaa cattttcctc 300
aggtttatat atgaaacaga acatttcaat ggtgttgctg aacttcttga aatattagga 360
agtattatca atggctttgc attgccactg aaagcagaac ataaacaatt tctaattgaag 420
gttcttattc ctatgcatac tgcaaaaagga ttagctttgt ttcattgtca gctagcatat 480
tgtgtgttac agttcctgga gaaagataca acactaacag agccagtgat cagaggactg 540
ctgaaatttt ggccaaaaac ctgcagtcag aaagagggtg tgtttttagg agaaattgaa 600
gaaatcttag atgtcattga accaacacag ttcaaaaaaa ttgaagagcc acttttcaag 660
cagatatcca agtgtgtatc cagttctcat tttcagggtg cagaaagggc attgtacttc 720
tggaataacg aatatattct tagtttgatt gaggagaaca ttgataaaat tctgccatt 780
atgtttgcca gtttgtacaa aattttccaaa gaacactgga atccgaccat tgtagcactg 840
gtatacaatg tgctgaaaac cctaattggaa atgaatggca agcttttctga tgaccttact 900
agctcataca aaactgaaaag acagagagag aaaaagaagg aattggaacg tgaagaatta 960
tggaaaaaat tagaggagct aaagctaaag aaagctctag aaaaacagaa tagtgcttac1020
aacatgcaca gtattctcag caatacaagt gccgaataaa aaaaagcct cccacctctg1080
ccggataggc agagttttgt atgctttttt gaaatatgta aaaattacaa aacaaacctc1140
atcagtataa tataattaaa aggccaattht tttctggcaa ctgtaaatgg aaaaatatat1200
ggactaaaac tagccctgtg ctgtatcatg gccatagtat attgtaacct ttgtctaatac1260
attggattta ttgtgtcact tctgaagttt cacagaaatg aatgaatttt atcatctatg1320
atatgagtga gataattatg ggagtggtaa gaattatgac ttgaattctt ctttgattgt1380
gttgccacata gatatggtag tctgctctgt atatttttcc cttttataat gtgcttttcal1440
cactgctgca aaccttagtt acatcctagg aaaaaatact tctaaaaata aaactaagg1500
atcatcctta ccttctctct tgtctcacc agaaatatga tggggggaat tacctgccct1560
aaccctctcc tcaataaata cattactgta ctctggaatt taggcaaaac cttaaatctc1620
caggcttttt aaagcacaaa atataaataa aagctgggaa agtaaaccac aattcttcag1680
attgttctc atgaatatcc ccttctctc gcaattctcc agagtggtaa cagatgggtal1740
gaggcagctc aggtgaatta ccagcttgc ctctcaattc attcctctc ttcctctcaal1800
aggctgaagg cagggccttt ccagctctca caacctgtcc ttcacctagt cctcctgac1860
ccagggatgg aggttttgag tcccacagtg tggtgataca gagcactagt tgtcactgcc1920
tggctttatt taaaggaaact gcagtaggct tctctgttag agctctgaaa aggttgacta1980
tatagaggtc ttgtatgttt ttacttggtc aagtatttct cacatctttt gttatcagag2040
taccattcca atctcttaac ttgcagttgt gtggaaaact gttttgtaat gaaagatctt2100
cattggggga ttgagcagca ttaataaag tctatgtttg tattttgcct taaaaaaa2160

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 642 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:46 :

```

cgacggggccg cgcgcctggc gcatgscgcg cggcgaccac gcctaaatag ccgcagcctc 60
tgcgcgtcgc cctccacggg taccgccggt ctccgccctt cttctcgcg gcgctcgagg 120
gaccatggcc gatcctcgcg tgagacagat caagatcaag accggcgtgg tgaagcgggt 180
ggtcaaagaa aaagtgatgt atgaaaaaga ggcaaaacaa caagaagaaa agattgaaaa 240
aatgagagct gaagacgggtg aaaattatga cattaaaaag caggcagaga tcctacaaga 300
atccaggatg atgatcccg attgccagcg cagggttgaa gccgcattt tggatcttca 360
acggatacta gaaaatgaaa aagacttgga agaagctgag gaatataaag aagcacgttt 420
agtactggat tcagtgaagt tagaagcctg aaacttttct cgtatggggg ggtttttgca 480
ttaaatcctg ggggtccattt tacaatccat tatttttgac cactgcta atgtgggtcaag 540
gagggatgag gaattgtcga ttggttttta gctggttaca atataagatt cgtttgcgta 600
atttgacaat gcaaagaaaa tgggggcacc cgattaaaaa aa 642

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1415 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47 :

```

ggcatctggc agaggggggt ggggctgggc cagctggggg agagcggagg agcgggtgcc 60
ggctgaagcg gggcggtggg cgcggagcga atgggggcac cgacaccact cctcaccggc 120
agccgggtgc tgagggccgc ggtgtgggtg cgcggacagt cagggcgagc gtgggcagcg 180
cgcacggcct gccagcccg ggcgccagaa tcctgcgctg cggggccgag aggggcgccc 240

```

```

cgccccgccgc agcctggagc ttcccgcgaa cctcgggggcg cccatgacgg cggcgggcgac 300
ggctaccgtg ctcaaggagg gcgtgctgga gaagcgaggg gcggggctgc tgcagctgtg 360
gaagcggaac gctgcgtcct caccgaacgc gggctgcagg tcttcgaggc caagggcacg 420
ggcgggccggc ccaaggagct cagcttcgcc cgcataaagg ccgtggagtg cgtggagagc 480
accggggcgcc acatctactt cagcgtgggt accgaagggg cggcgagatc gacttccgct 540
gccccctgga agatcccgcc tggaaacgccc agatcaccct aggcctgggt ccgttcaaga 600
accagcaggc catccagaca gtgcggggccc ggcagagcct cgggaccggg accctcgtgt 660
cctaaaccac cgggcgcacc atctttcctt catgtacccc accacctcag tgcagaggtc 720
aaggcagctt cgttgttccc tctggcttgt gggggcacgg ctgtgctcca tgtggcaagg 780
tggaaggcat ggacgtgtgg aggaggcgtt ggagctgaag gaatggacga gccctgggag 840
gagggcagaa ggctacgcag ggctgaggat gaagatgcag cccctggatg gtcccagact 900
ctcaggacat gccagctca ggggcttcga gccacaggcc tggcctcata tggcatgagg 960
gggagctggc ataggagccc cctccctgct gtggtcctgc cctctgtcct gcagactgct 1020
cttagccccc tggctttgtg ccaggcctgg aggaggcgag tcccccatgg ggtgccgagc 1080
caacgcctca ggaatcagga ggccagcctg gtaccaaagg gagtaccag ggctggtac 1140
ccaggccac tccagaatgg cctctggact caccttgaga agggggagct gctgggccta 1200
aagcccactc ctgggggtct cctgctgctt aggtcctttt gggaccccca cccatccagg 1260
ccctttcttt gcacacttct tccccacct ctacgcactt tcccccaact gcggtgttcg 1320
gctgaagggt ggtgggggtg agggggggtt tggccattag catttcatgt ctttccccaal 1380
atgaagatgc cctgcaaagg gcagtaacca caaaa

```

1415

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 2949 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:48 :

```

gcgcaggcgc agtgggtgagc ggcaacatgg cgtccaggtc taagcggcgt gccgtggaaa 60
gtgggggttc gcagccgcgc gatccccag tccagcgcca cgaggaagag gaaaaagaag 120
tcgaaaatga ggatgaagac gatgatgaca gtgacaagga aaaggatgaa gaggacgagg 180
tcattgacga ggaagtgaat attgaatttg aagcttattc cctatcagat aatgattatg 240
acggaattaa gaaattactg cagcagcttt ttctaaaggc tctgtgaac actgcagaac 300
taacagatct cttaattcaa cagaaccata ttgggagtggt gattaagcaa acggatgttt 360

```



```

cagaagacac caatgatgat atggatgaa atgaggtttt tggtttcata agccttttaa 420
atttaactga aagaaagggt acccagtgtg ttgaacaaat tcaagagttg gttctacgct 480
tctgtgaqaa gaactgtgaa aagagcatgg ttgaacagct ggacaagttt ttaaatagaca 540
ccaccaagcc tgtggggcctt ctctaaagtg aaagattcat taatgtccct ccacagatcg 600
ctctgccccat gtaccagcag ctccagaaag aactggcggg ggcacacaga accaataagc 660
catgtgggaa gtgctacttt tacctttctga ttagtaagac atttgtggaa gcaggaaaaa 720
acaattccaa aaagaaacct agcaacaaaa agaaagctgc gttaatgttt gcaaatgcag 780
aggaagaatt tttctatgag aaggcaattc tcaagttcaa ctactcagtg caggaggaga 840
ggacacacttg tctggggaggc aaatgggtctt ttgatgacgt accaatgacg cccttgcgaa 900
ctgtgatgtt aattccaggc gacaagatga acgaaatcat ggataaactg aaagaatatc 960
tatctgtcta acccatttcc aatggacagt gatgggcttg tttttgtaaa attaccagaa1020
aactcagtggt aqatttactg aaaaactcag actttattca gattaagttc ctctacaaaa1080
aqtagggttc tgtcccatgt gtctctgaca catttacaaa ataccagttt tttaaaattt1140
tggtc aaatt atgagtgggt gattt aaaaaa cttttccaag aagaagaaaa gcatggagtc1200
gtaattt aaaa gaactcaata aaaacttcta ttttttattt taaaataata tacacagtg1260
tattttcttc aagaccgtcc tgtggatgtg aaatccgtct tcgctcatg tatctcccat1320
atccagcagt ccagccatcc agctaccttt gggaccctgc tgcacctgt gtttgcctgg1380
gagtcactgg agagtgcac tctgttcagt ttcagggcac gtctcacaca tttgtgttc1440
cttattcatt gttgacacag gggataggtg atccactact tgcgtagaa tgccttact1500
ttcactagga ggcagattac tgaaatagta ttgtgttacc agctgcataa atagttcagg1560
agagatttct gaggtaatcc tgatgtagtt gttctcagaa atgctgaatt tatggaagag1620
gaccactctt ggcactctct tgggtgattga gtaaccagac aggggatgca gctgagcaac1680
ctgcttatgt gtcagcatta agtagttacc tgatccatca acatcccgag caatctgcat1740
aaagtaaccg gacagaagag ctttctttat gtttagagtg ttttcttgg agccaaaagc1800
aggttctgca tagggaagct cgattcgctt gataatttct aagagttcag ctcgaataac1860
atctgccatt ctgagtgtg aacagttgag gaagtaatca cgacaccact tttccacaca1920
gtactcactg ctagaattca gagttgtgtc ttggtaagcc ttgtaaatgc tgatgagggt1980
aaagtgatct ccttcgggat gtaaaaatgt cttccaacaa gtcaaggcag cctcttcagc2040
tccatgtggc acatgtgaaa agcaatttgg agctgttacc atggccgcga ttgttagcac2100
ttcatctaca cagtcaaatt cacaggacgc taagatagac ttcgagagtt gtggatcaag2160
aggaaaactct gacatgatga ttccaaattc agaaagattt ccatcattat ccagtgtctg2220
cagataatct aagtcttcca atgcctgcac caaactttct ggtgctggtc tgttcatgaa2280
gtcacagtgg cctaggcccg caatgtctat cctcttcata aaaagcacca tgcttgtag2340
gttggtctcc tgcatttctg ctggcttcag tggcgtcatg tctttggagg caaattcttc2400
agtgtacagg cagaaaaatt ttctgaaga agatgagcca agaattctgt tgcgtatctc2460
tgcttggtct tggctgatgg gctgcatgac gacgagttt gctcttattc tcgggttgta2520
cacctttctt ctttccacac ccacatcgat acaaatctg actgagttgc tccagatcaa2580
aaactctcca gagctagtag ttaacaccac tttcttttga taaacttggc atcttttttc2640
tgtttcatcg agtggttga acaatgaaca ttctctttt ggatacaaa gaacaaccac2700
cagttctcca agatctgggt ttaggttaga tccttgatag acagtttcac agactttctc2760
aatacttgt tcacaggcca gaaagactac aatgtcacct ttctcaccgc agtggtgaat2820
ttcaaagata aggcgtaaaa tagactcaaa agaactcttt tgagcctcac taaggtaac2880
aacctccaca ggggtgtttat ttttcacttc tatgacaggc acgtttccat aataagaatt2940
gagtttgc
2949

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 665 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

cctagacccg tccgggtcgca gactgtcctc cgagacgctt cctgtccggt gagcgtcgac 60
cgactgaaac ggcggcccat aatacattgc gatggcgggt aggcgtgtgg ggcgggagcc 120
agggccggaa gtagagcgga ggtggtggcg gcggaggctt tggcagctcg ggactgagtg 180
caagaatcag catgattctt cagaggctct tcaggttctc ctctgtcatt cggtcagccg 240
tctcagtcca tttgcggagg aacattggtg ttacagcagt ggcatttaat aaggaacttg 300
atcctataca gaaactcttt gtggacaaga ttagagaata caaatctaag cgacagacat 360
ctggaggacc tgttgatgct agttcagagt atcagcaaga gctggagagg gagcttttta 420
agctcaagca aatgtttggt aatgcagaca tgaatacatt tcccaccttc aaatttgaag 480
atcccaaatt tgaagtcac gaaaaacccc aggcctgaag aaataaagta aaattaatct 540
ggtaatttgt cacggattag ttgtacaact agttagaagt ttcagaataa acatgcattt 600
cataactgtc aaatgttctt ttaattctga gtccaaataa attatttggt gatgttgaaa 660
aaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:50 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 904 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50 :

```

tcaccaccca gtgatgtgct gaggcctcct gcagtgaatg ctccctccat tcctgtactc 60
aggcagtgcc attcagcaca ggagagctct ttttgccttt ggctttcaat tccaaaacat 120
gatttaattt ctaactaaat tagtatggca ctagttaatga agtatctgct taaaaccctt 180
catcatgata tcctgtggat ttaaaaactc taattccatg ttttcttccc atctgcctta 240
tatatctcat caccctgctt atcaatatct agtttgatga gcactattaa ctaaaatatg 300
aaacttaaaa acaaaaagcaa gttgtcctta aaagtctctt ttttaagtaa attgttgaca 360
tactgcaaat tttctatgca aacttgccct ctgctgttat ctgtgaagct caggaaatcc 420
aaacatttgt gtttcaacaa gggacagtaa actgtgtgtt tacagccaaa agaaatgcct 480
catagttctt aacctcaact tttgtagaag tattttttct tctgtaatat ttttattggc 540
tcataaagat gttttcatat ctgaactcct aaataagtga aattacagta gattatatta 600
acaaaatact ttttaggtag ccatgcttga gactttttaa aaatataact ttttccttaa 660
agttttcagc tatagcaaaa ggtagttatg tatgccagac ctaatatgag ctgccaccaa 720
cacccttaga actttcagcc atggtgtctt cagaattgta gcgcatttct gaatctaggc 780
aaatcctcct tttaccggtt gaatgttttg aatgccttga ctctaccagc gcccataaat 840
gatctctagg aagggtgtt aggtaccaat tctgtttttt caactttgga aggtaaaaac 900
cccg
904

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

cgaaggcagg cgcaaggagc aagcgcagat tgtgggcggc tgtgtcagct gacccaaggg 60
gccttcgagg tgccttaggc cgcttgccct gctctcagaa tcgctgccgc catggctagt 120
cagtcctcagg ggattcagca gctgctgcag gccgagaagc gggcagccga gaagggtgtc 180
gaggcccgca aaagaaagaa ccggaggctg aagcaggcca aagaagaagc tcaggctgaa 240
attgaacagt accgcctgca gagggagaaa gaattcaagg ccaaggaagc tgcggcattg 300

```

```

ggatcccgtg gcagttgcag cactgaagtg gagaaggaga cccaggagaa gatgaccatc 360
ctccagacat acttccggca gaacagggat gaagtccttg acaacctctt ggcttttgtc 420
tgtgacattc ggcagaaaat ccattgaaaac taccgcataa atggatagaa gagagaagca 480
cctgtgctct ggaagtggcat tttagatgcc ctacgaata tgaagcttag cacagctcta 540
gttacattct tatgatatgg cattaaatta ttccatata ttatataata ggtccttcca 600
ctttttggag agtagcaaat cttagcttttt tgtacagact tagaaattat cttaaagatt 660
catcttttta cctcatatct cttaggaatt taatggttat atgttgtctt tttttcctat 720
gtcttttggc tcaagcaaca tgtatatcag tgttgacttt ttctttctta gatctagttt 780
aaaaaaaaaa aaaaccacat acaattctt tgaagaaagg aagggattaa ataatttttt 840
tccctaacac ttctttgaag gtcaggggtt ttatctatga aaaagtagta aatagttctt 900
tgtaacctgt gtgaagcagc agccagcctt aaagtagtcc attcttgcta atggtttagaa 960
cagtgaatac tagtggaatt gtttgggctg cttttagttt ctcttaataa aaattactag 1020
atgatagaat tcaagaactt gttacatgta ttacttggtg tatcgataat catttaaaag 1080
taaagactct tcatgcaaaa ttaaccccca tatttttttt ttccctgtct ccgtgacaac 1140
cagtgggtct tcatttttga tcatgcgaaa tgcattctga cccagatggt ctgcagaact 1200
tcacttagga cattagcaca caaatagcac acatatctt 1239

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:52 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 966 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

gccctgagga ccctagtcca acatggcggc gccagcgga ggggtggaacg gcgtcggcgc 60
gagcttgttg gccgcgtgc tctaggggc cgtggcgtg aggcgggagg aggcgggtgc 120
cgagccacg acggtggcgt ttgacgtgc gccgcgggc gtcgtgcatt ccttctccca 180
taacgtgggc ccgggggaca aatatacgtg tatgttcact tacgcctctc aaggagggac 240
caatgagcaa tggcagatga gtctggggac cagcgaagac caccagcact tcacctgcac 300
catctggagg ccccagggga agtcctatct gtacttcaca cagttcaagg cagaggtgcg 360
gggcgtgag attgagtacg ccattggccta ctctaaagcc gcatttgaaa gggaaagtga 420
tgtccctctg aaaactgagg aatttgaaqt gaccaaaca gcagtggctc acaggcccgg 480
ggcattcaaa gctgagctgt ccaagctggt gattgtggcc aaggcatcgc gcactgagct 540
gtgaccagca gccctgttgc ggggtggcacc ttctcatctc cgggtgaagct gaaggggcct 600

```

```

gtgtccctga aaggccagca catcaactggt tttctaggag ggactcttaa gttttctacc 660
tgggctgacg ttgccttgtc cggaggggct tgcagggtgg ctgaagccct ggggcagaga 720
acagagggtc cagggccctc ctggctccca acagcttctc agttccact tctgtctgag 780
ctcttctgga ctcaggatcg cagatccggg ggcacaaaga gggtagggaa caagtggggg 840
ctatttttgg ggaaaaaac ccatggttcc cctaactttg agccggggag tgctttaatt 900
gggcttgaaa ccttttttcc cggtttttcc ccagggggcc gtccttttaa attaaacttg 960
agaaag

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53 :

```

taaagctgcg gggcggttc gcgtttctcg tgtccgcttg actgacagct gcgcggcggg 60
agcgggcggc ggcagcgga ggcgcgcg cagagcttg ggttccttg gtcgcaccca 120
ccacctgctt gccactggt cagccttcag ggacctgag caccgcttg tctctttcct 180
gtggccagcc cagaactgaa gcgctgcggc atggcgcgcg cctgcctcca ggccgtcaag 240
tacctcatgt tcgccttcaa cctgctcttc tggctgggag gctgtggcgt gctgggtgtc 300
ggcatctggc tggccgccac acaggggagc ttcgccacgc tgctctcttc ctcccgtcc 360
ctgtcggctg ccaacctgct catcatcacc ggcgcttttg tcatggccat cggcttcgtg 420
ggctgccttg gtgccatcaa ggagaacaag tgctctctgc tcactttctt ccggtgctgc 480
tgggttgagg ccaccatcgc catctcttc ttcgcttaca cggacaagat tgacagggtat 540
gcccagcaag acctga
556

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:54 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54 :

```

cggggggagtg agggagaaagg gggggccttgg cggccggagg agggagtaggt gcgggtgaag 60
atggcgccag cggaggccgc gaactgcac atggaggtgt cctgtggcca ggcggaaagc 120
agtgaagaag ccaacgctga ggacatgaca tccaaagatt actactttga ctctacgca 180
cactttggca tccacgagga gatgctgaag gacgaggtgc gcacctcac ttaccgcaac 240
tccatgtttc ataaccggca cctcttcaag gacaaggtgg tgctggacgt cggtcgggc 300
accggcatcc tctgcatgtt tgctgccaag gccggggccc gcaaggtcat cgggatcgag 360
tgttccagta tctctgatta tgcggtgaag atcgtcaaag ccaacaagtt agaccacgtg 420
gtgaccatca tcaaggggaa ggtggaggag gtggagctcc cagtggagaa ggtggacatc 480
atcatcagcg agtggatggg ctactgcctc ttctacgagt ccatgctcaa caccgtgctc 540
tatgccccgg acaagtggct ggcccccgat ggccctcatc tcccagaccg ggccacgctg 600
tatgtgacgg ccacgagga ccggcagtac aaagactaca agatccactg gtgggagaac 660
gtgtatggct tcgacatgtc ttgcatcaaa gatgtggcca ttaaggagcc cctagtggat 720
gtcgtggacc ccaaacagct ggtcaccaac gcctgcctca taaaggaggt ggacatctat 780
accgtcaagg tggaagacct gaccttcacc tccccgttct gcctgcaagt gaagcggaat 840
gactacgtgc acgcccgtgt ggccctactc aacatcgagt tcacacgctg ccacaagagg 900
accggtttct ccaccagccc cgagtcctccg tacacgcact ggaagcagac ggtgttctac 960
atggaggact acctgacctt gaagacgggc gaggagatct tcggcaccat cggcatgcgg 1020
cccaacgcca agaacaaccg ggacctggac ttcaccatcg acctggactt caagggccag 1080
ctgtgcgagc tgtctgtctc caccgactac cggatgcgct gaggccccgc tctccccccc 1140
tgcacgagcc caggggctga gcgttcctag gcggtttcgg ggctccccct tctctccct 1200
ccctccccga gaagggggtt ttaggggctt gggctggggg gatggggagg gcacatcgtg 1260
actgtgtttt tcataactta tgtttttata tggttgcatc tacgccaata aatcctcagc 1320
tggggaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagga

```

1349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2021 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55 :

```

ctctgtctca aaagagaaaa aaaaagaaaa gtaaccttca gagattctta gaagagttgc 60
tcattcacac ccacgccctt gcccaaggct ggcccactta gacgaaact taacttttgt 120
ctggatggga agagaagtaa gtctaccccg aggttgccat gttgaagagt gagaggtcca 180
agtgattctg tgcattgaaa ccaagacacc ccaccagaa cacttcttcc ctccctcagc 240
ccaaacccaaa ggctgggggtt ctcatctcca agtggtgtt ctccaacttt cccaagccgc 300
ttgcattccc cagactggac tactgtggcg gttagggttag atttgaagac ggggccagg 360
ctgggtatga acgggtgcag cctcttcttc ctcttcccc ccacatctct catgagagag 420
gtagtggcat ttcttcttca gggagcttca atgggaaagg tctcgaaggc ttcaggagga 480
gcagaatacc aacgcagggg gatggctgta acgatctcac cgtctcttaa cctcagtcct 540
ttttttgaga gtgaatgggg gaggggtggga agggaccag atttgtagat ctcttttgtct 600
gggggagggg aaggatgtgg tttgcagagc ggaagcagag tttggaaacg catgagagca 660
gagcttcgtg tgttcccacc ctcaagttag aggtgtgagt gggtagcat gtggagttgg 720
gtgttcccac cctcagttag gaggtgtgag tgggggtgca tatagaggca gtgcctgctg 780
tggggtcaca actggtgcac gccagcgcca aagggacctg tctttagggg tcatttcagc 840
cagctcctcc catcacagat gacagctcca agcctagaag gggctcagtg acagggccag 900
gacaagccct caggactgtg gcctcctggc ccttggttcc cctgccccac aacatggtct 960
ccacatggct ggctggctgg ctgtccctgt gtgtgtgtga cacacggtgt gagtgcaggg 1020
ctgtgcccgg ggtgggaggg tgtctatgtg gcactgactg tcttagctca gagctggtgg 1080
atcctctcca tggacaatga cactttaagg attgtcttgg tttgtttttc ctatttgggt 1140
ggtattttcc cctcaggct cctgggtctg ctgctgcctc aagggtgctc gaccttgagg 1200
ctgatgaggg gacccctgcc tgtttcccc atactgagtt ctaggagggt gctcacccca 1260
gactcttagg aagggtctag agaaatgaga ggagcccaag ccaggggcca gctccgagaa 1320
agggtaacct ccacgcttct ctctcccaaa ttggaaatga agacaggttt tcaaaggcac 1380
aggetcccc tgccagcttc taggatcttc cttggtgtgc aatgggccag ttaggggtag 1440
gcagcttgca cccagttctc ctttatctca acttattttc ctggggagag gtgcctagag 1500
ggattgaggt aacttcaact gggaattcca aggaaggtgg gcaagtagcc ttggctctct 1560
cccaccatgt ccatcaggat tgagagtgtg tctagctccc gaccactttg tcttgacctal 1620
ctgaaaagtt gggaactgag ggggtgccttc attccccctt gtacactttc tccagctcaal 1680
cttgggactt ggggtggtgg actggagacc tcacccttgc tcccgccccg ccccttttct 1740
atcccaacct gtttccatgt agcagacct tcctaggagg caggaggagg aagccacaga 1800
ttgcaaacc aggggtcct ttttcattct ttctaaaacc ttgatattct cagcccaaag 1860
gcgatgcccc cctgccacct ccaagcctgg aattgtgcat aaccgggac ttgtatcttt 1920
gtataacgga tgttatttgt acgaagggca gttcgtaaac agcacttggt cttttaataa 1980
aagaatgttt tgcaaaaaaa aaaaaaaaaa tccgaaaaaa a 2021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:56 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
  - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56 :

```

gcgaccgcct ctactggaag tttgaccctg tgaagggtgaa ggctctggaa ggcttcccc 60
gtctcggtgg tcttgacttc tttggctgtg cgagcctgcc aacactttcc tctgaccatg 120
gcttggtatgc cctcaggggt gctgaccctt gccaggccac gaatatcagg ctagagaccc 180
atggccatct ttgtggctgt gggcaccagg catgggactg agcccatgtc tctcagggg 240
gatggggtgg ggtacaacca ccatgacaac tgccgggagg gccacgcagg tctgtgtcac 300
ctgccagcga ctgtctcaga ctgggcaggg aggccttggc atgacttaag aggaagggca 360
gtcttgggcc cgctatgcag gtcttggaac acctggctgc cctgtctcca tccctgtccc 420
tcagggtagc accatggcag gactggggga actggagtgt ccttgctgta tccctgttgt 480
gaggttcctt ccaggggctg gcactgaagc aagggtgctg gggcccatg gccttcagcc 540
ctggctgagc aactgggctg tagggcaggg ccacttctct aggtcaggtc ttggtaggtg 600
cctgcctctg tctgccttct ggtgacaat cctggaaatc tgttctccag aatccaggcc 660
aaaaagtcca cagtcaaatt gggaggggta ttcttcattg aggagacccc aggccttgga 720
ggctgcaaca tacctcaatc ctgtcccagg ccggatcctc ctgaagccct tttcgagca 780
ctgctatcct ccaaagccat tgtaaattgt tgtacagtgt gtataaacct tcttcttctt 840
tttttttttt aaactgagga ttgtcattaa acacagttgt tttctaaaaa aaaaaaaaaa 900

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
  - (A) LÄNGE: 1212 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STrang: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57 :

```

ggcggggcct gcgggcggaac cgcggccgaa gccgcacggg agacgacgag gaggagccgg 60
aagatgcgga cgaggcgga gttccccgtg atctccgtgg tggggtacac caactgcgga 120
aagaccacgc tgatcaaggc actgacgggc gatgccgcca tccagccacg ggaccagctg 180
tttgccacgc tggacgtcac ggcaccacgc ggcacgtgc cctcacgcat gaccgtcctg 240
tacgtggaca ccacgtgctt cctctcccag ctgccgcacg gcctcatcga gtccttctcc 300
ggcaccctgg aagacgtggc ccactcggat ctcatcttgc acgtgagggg cgtcagccac 360
cccgaggcgg agtccagaaa tgcagcgttc tgtccacgct gcgtggcctg cagctgcccg 420
ccccgtcctt ggactccatg gtggagggtc acaacaaggt ggacctcgtg cccgggtaca 480
gccccacgga accgaacgtc gtgcccgtgt ctgccctgcg gggccacggg ctccaggagc 540
tgaaagctga gctcgatgcg gcggttttga aggcgacggg gagacagatc ctactctcc 600
gtgtgaggct cgcaggggcg cagtcagctg gctgtataag gaggccacag ttcaggaggt 660
ggacgtgatc cctgaggacg ggcgcggcga cgtgagggtc atcatcagca actcagccta 720
cggcaaattc cggaagctct ttccaggatg aacggacgcc cacagaggcc tgcggggtgg 780
gggcacgcct gcctggggag ctgaggcgtt accgctgtgt tgggggcagc ttggtgtcag 840
gtcagcagg gtctccttg tctggttctg caccctctc gctcccagcc atttgctggg 900
atgaccgtgc aggcgggtga cacggccgca cctgccccaa agcgggcgcg ccgagcgtcc 960
actccaagcc tgagcatcca cacaattcca gtgggcccctc ggtgcctgct gtgaactgct 1020
ttccctcgga atgtttccgt aacaggacat taaacctttg attttacttc agtgaaaaaa 1080
aatccagtt cctcctgcac ctgccgtgag ccgtggcctg gtggcaccga cggcccctcc 1140
gccccgctgt ctgtgttcac agatggtctc ggtttcccat ggtggtgtcg gggaaatgac 1200
gaaaaatcag gt 1212

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58 :

```
ctccctaggt acaaatagcc ctgggctctg cagctccaca ggctcctggg gtggagtcca 60
aatcactcat tgtttgtgaa agctgagctc acagcaaaac aagccaccat gaagctgtcg 120
gtgtgtctcc tgctggtcac gctggccctc tgctgtctac aggccaatgc cgaqttctgc 180
ccagctcttg tttctgagct gttagaactc ttcttcatta gtgaacctct gttcaagtta 240
agtcttgcca aatttgatgc cctccggaa gctgttgag ccaagttagg agtgaagaga 300
tgcacggatc agatgtccct tcagaaacga agcctcattg cggaagtcct ggtgaaaata 360
ttgaagaaat gtagtgtgtg acatgtaaaa actttcatcc tggtttccac tgtctttcaa 420
tgacaccctg atcttctactg cagaatgtaa aggtttcaac gtcttgcttt aataaatcac 480
ttgctctcca cgtc 494
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 729 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59 :

```
tttttttccct tgggaagcag gagtttatct ttatcctttt gtaagtatta actcggtaat 60
cacaacaaac acggagcaat ctcaatgctg ttatccgga ggacagtctg cggggctcgtg 120
acgattcttt tcttcttgaa gtttttccct ttctgaatc tcataatgat tcttggccat 180
gattctgtct tttcaatgac tgtggcttct actcgaacaa gatcctttcc gaggagtggc 240
ttgccaagca gcgtgaagtt gtctgcccc accagcagga ccttctccag tcgaattctc 300
tctccacacg caaggtctag ttcatttcca attaagatca ggtcttcaga ggtcaccttc 360
cactggcggc tggcaaagtg caccacggca aagagcctgc catactgcc cgtgacgac 420
atctcattca ccttcttcac gacctctgca tgggtgtctg tctcctcaac tgggtctggc 480
agaacaactt ctggccaagg tgggtgaactc agggatgttt taggaacata tcttggtaga 540
tatgaagtgc tctgtgaatt gaaccttcga gaagcagacc aaagggaggc tgctccgggc 600
cccgaaggtc tcaggatgct gtggctgcac gcggacgcca gccgcctaa ggtgaccgtc 660
```

```

agggaagatg ctgccatggc cggcggccatc ttcccgcagc ctgggcccga aacggaaaacg 720
acgcgaacc                                     729

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:61 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61 :

```

cagaggctct tttttaaatc ttggggaaat catacccact gaggaataga ggccagggca 60
gatcaggcct gcgtggattg tgggtcagct agggaaagcag aaggaggaag acgctggaat 120
cattgtcagg actgagaata tgggtgtgagt tgcttttgag ggtggccatg tgagcacctt 180
ggccagatta atctctttcc cccctccatg atggtggcag gggcaggagc tgacttcgtg 240
atgctgggtg gcatgctggc tgggcacagt gaggcagggt gtgagctcat cgagagggat 300
ggcaagaagt acaagctctt ctatggaatg agttctgaaa tggccatgaa gaagtatgct 360
gggggcgtgg ctgagtacag gtatgtgtgg agggccagga gcttagtaat agtatggagg 420
cagaactcat ggctgctgag agggggatgg tacagttctc agagaagcat ggtgaaccgg 480
ggctcaatgc tagggctctg ggaaaagtcc ctgggcttaa ggaatccaga aggagaagat 540
aataaagttt ttctactttt aagagcctca gagggaaaga cagtggaaagt tcctttttaa 600
ggagatgtgg aacataccat ccgagacatc ctaggaggga tccgctctac gtgtacctat 660
gtgggagcag ctaagctcaa agagttgagc aggagaacta ctttcacccg agtcacccag 720
caggtgaatc caatcttcag tgaggcgtgc tagacctgag cagttctacc ctcccaaggc 780
accagtactc taccatgggg catcccaagt ggggtcctca cccatcccag ctactgcagc 840
tctgtattac tttgtcattt cctgttgtct cactcctgag ggctcctgca gtaactctgt 900
acttctctat ctgcacacac aaaatgccca aggcactcac tggggaggaa gcaagggaagc 960
aaacagtcct agaaaatgat gcaagaaaat caaatgggaa tctggggacc caacacaacal1020
tcctgaagat tattaagagg aaaagatgct gatttggtaca taaatctttt acatggcctt1080
ggtctagagg aggcaggctt ttagaatcat gttttgttaa tccgcttcac taaattggac1140
cttcacatat ctaaaaagct ctgaagtgtt tgtatatattg aaataacctca ataaagagag1200
agctcattga ctgtaaaaaa aaaaaaaa aattctgtac aaggctagca tctgggtgct1260
gctgcagagt ggggtgggtgg agggtcagca ctgaccacgt ggggtcaaga acaat 1315

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LANGE: 2011 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62 :

```

tagaatattc atgtgagttc attcctccct gctgagattg ttcagctcct ccttccctgc 60
tataccgact ggacttgaac actaagtctt caatagctga gattctccat cttaatctac 120
ttggaggcaa gagcagattg gttgtttcat tatggatgga ggggatgatg gtaaccttat 180
tatcaaaaag aggttttgtt ctgaggcaga actagatgaa cggcgcaaaa ggaggcaaga 240
agaatgggag aaagttcgaa aacctgaaga tccagaagaa tgtccagagg aggtttatga 300
ccctcgatct ctatatgaaa ggctacagga acagaaggac aggaagcagc aggagtacga 360
ggaacagttc aaattcaaaa acatggttaag aggcttagat gaagatgaga ccaacttctc 420
tgatgaggtt tctcgacagc aggaactaat agaaaagcaa cgaagagaag aagaactgaa 480
agaactgaag gaatacagaa ataacctcaa gaaggttgga atttctcaag agaacaagaa 540
ggaagtggaa aagaaactga ctgtgaagcc tatagaaacc aagaacaagt tctcccaggc 600
gaagtgttgg caggagctgt gaagcataag agctcagaga gtggcaacag tgtgaaaaga 660
ctgaaaccgg accctgagcc agatgacaag aatcaagagc cctcatcctg caagtctctc 720
ggaaacacct cctgagtggt cccctccatc cactgcccct ctgctgcagt atgtatcggc 780
atcctcccag gctgggtgc ctactctggg agcagcgact ccgagtcagc ctccagacagc 840
gaaggcacca tcaatgccac cggaaagatt gtctcctcca tcttccgaac caacaccttc 900
ctcgaggccc cctagtctct cctccctac acaggagact cctccccaag ggtagatcgg 960
accgttcatg ctgcctatag gcattatgtc cctcaaaaaa aaactccttt gcctgcatcc1020
tgtgtacaac atgacatttt taaccaatcc aatctaaaaa tgtgccagaa tccacctgtg1080
gccgaatcg tgtttggttc ctctttctac tccactgcag atgacaaaac ctgtcccgtt1140
gccactttcc tcactgatat tgggaggagg gcaaggccca gccgaagttc cactaaaaat1200
gccccaggag aataggcacc ggctggcttg ccaaagggtt tgggttttat tgcctttctgt1260
tttttctttt cccgacagca caaagaagta agggcagtta ttggacaggt gttattttaa1320
cattctattg taaatgaatg tgttgtttgg ttctactgca ttgtggagca tgcgggggaa1380
gagaactgac ccaggtaatg aaatggagcc ctcccttgga actaaccagt ccttgatgtt1440
gtgtgactaa gtaaagatga taaaccccat ctgctggggg tgctacttca cactcggcat1500
gcattgtgaa agctttccat acccttggtc attcctctct tctctctctt ccaaccccat1560

```

```

ttatgcagga agggactgct aacaagaacg cttccatctc aaaccttttc tctgcctggg1620
aaattatttt atgtttggtt ttgaaataaa ggatttagtt taagattcta aatttttagag1680
aaacaaacgt aggccttggt tactaatagc cagacatcag aactgcaggt aggtatgtta1740
atgagatgac ttattttctgg cagctcctgg aatcctaata ttgtaaatga gtgggacaca1800
cttgcatatt gtgaccattc tattgaggcc cttctctggt taatgcatat tatacttgtg1860
cttttaactc tggaaatctat ttctaacctc aagggtgctgc cctagtactt ttcttttgc1920
gcctctgctg ctcttttttc tttccaaac agcaaactct gaggccatga gcagccaaaa1980
actagaggta ctgctccacc tctctcata a
2011

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:63 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2009 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63 :

```

aggggggata gaagggacag gggatcgaga aagagagaaa gaaaatgaga gaggtagaag 60
acgagatcgt gactatgata aggaaagagg aaatgaacga gaaaagaaaag gtccaaggaa 120
cagagaagta ggggagaggt agaagagaag aaacataaag aagacaaaaga tgataggcgg 180
cacagagatg acaaaaagaga ttccaagaaa gagaaaaaac acagtagaag cagaagcaga 240
gaaaggaaac acagaagtag gagtcgaagt agaaatgcag ggaaacgaag tagaagtaga 300
agcaaagaga aatcaagtaa acataaaaaat gaaagtaaaag aaaaatcaaa taaacgaagt 360
cgaagtggca gtcaagggaag aactgacagt gttgaaaaat caaaaaaacg ggaacatagt 420
cccagcaaaag aaaaatctag aaagcgtagt agaagcaaaag aacgttccca caaacgagat 480
cacagtgata gtaaggacca gtcagacaaa catgatcgtc gaaggagcca aagtatagaa 540
caagagagcc aagaaaaaca gcataaaaaac aaagatgaga ctgtgtgaaa atattttgta 600
aaagtggatc acattgaatc ctataaatga ttaaatctgc tttttccccc cacgttgaga 660
ttgtgcagta gttcgcactc ctcaagctct cctgtaggc tgcattttca tttcctcttt 720
cgtgtaggga agtgcctttg taattccatt tattgcattg gtgttttcac ccaattgtta 780
agtgtgatac atgatgcaca gattgttctt gcatttttat tgtttgtttt tgaaatgtac 840
agtctgtaca tatgtcctga aaatgtttta attccttttg catggttgcc atgttggtta 900
aatttgata aggcaataaa ctgccactaa tctatttttg ttttgtaggt gtgggattat 960
ggtttgtaga ctgaagttag catggctgtg cttttcgtaa tagaatgcta aagactttga1020
gaatggatct tggatgtcta ttataggaga aqtatgtgct gccaatgtac aagaaggcag1080
cattgtagga ttaacattct tgtctactgt atattatctt ggaaggctct tgtaatatg1140

```

tacactttaa	tattctccac	agttacottt	agagagaatt	tatgagaagt	tagttttctgal1200
tgcagagggt	tttaggctgt	gatttcatca	aaagtcottt	tagcatttcta	cctcaaagggl1260
acacttagta	tgcctaaaat	ttattcactt	agtttttcctt	ttttatttga	aaaaatacat1320
gacatgtaat	ctttttttct	tgaattcttt	ctcagatttt	aaagtactat	attaaagaaal1380
aaaattaatg	tctaaagcct	agcattcttg	cagaacccta	tactaacatg	taatggggag1440
aggggtggggc	agatgagtag	agaaacagat	tcaagcctca	agcttccaaa	gcatttttat1500
aaatggaaaa	tccttaaatt	atgaaacagc	ttgatatagt	gtcctttttt	taaaattcag1560
aacttttttt	attgataatg	gagattgctg	tttgagtttt	taaacttaat	ctagaacagal1620
ggagtattaa	aagtaatgct	gtgctgcatt	atttaagact	atcagcaaat	tatttgatag1680
attgttctta	caacttgat	tctgattaca	gaaccatcat	gagtgtggaa	taaatactgg1740
attaaatctc	ttatcctggg	tcttggtttt	tccccattt	gttaaatttt	tttagcatat1800
ttatattgtg	gaaattgatg	aaacgtcagt	agagtcacac	tttgtgtaca	gggatgtctt1860
agtgcccaga	tgacaagtag	attttggaga	aatgcataga	ctgggattgg	gcattgtggtal1920
atcaataatc	tttattagaa	tacttgataa	tggcagttcc	ctttgtcagt	ggttgttacal1980
tgtgtcattt	gattactttg	ttccatgtc			2000

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:64 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2269 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) **MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64 :

gcctggcctt	tgcagagaag	gccagctggt	tgggggaaca	gccccagttc	tggtcgaaga	60
gcagggtctg	gactggatca	gctaccaagt	ggagaagaac	aagtacgacg	caagcgccat	120
tgaattctca	cgatgtgaca	tggatggcgc	cacctctgc	aattgtgcc	ttgaggagct	180
gcgtctggtc	tttgggcctc	tgggggacca	actccatgcc	cagctgcgag	acctcacttc	240
cagctcttct	gatgagctca	gttggatcat	tgagctgctg	gagaaggatg	gcatggcctt	300
ccaggaggcc	ctagacccag	ggccctttga	ccagggcagc	ccctttgcc	aggagctgct	360
ggacgacggt	cagcaagcca	gcccctacca	ccccggcagc	tgtggcgag	gagccccctc	420
ccctggcagc	tctgacgtct	ccaccgcagg	actggtgctt	ctcggagctc	ccactcctca	480
gactccggtg	gaagtgcacgt	ggacctggat	ccactgatg	gcaagctctt	ccccagcgat	540
ggttttcgtg	actgcaagaa	gggggatccc	aagcacggga	agcggaaacg	agggcgggcc	600
cgaaagctga	gcaaagagta	ctgggactgt	ctcgaaggca	aaaagaacaa	gcacgcgcc	660

```

agaggcaccc  acctgtggga  gttcatccgg  gacatcctca  tccacccgga  gctcaacgag  720
ggcctcatga  agtgggagaa  tcggcatgaa  ggcgtcttca  agttcctgcg  ctccgaggct  780
gtggcccaac  tatggggcca  aaagaaaaag  aacagcaaca  tgacctacga  gaagctgagc  840
cgggccatga  ggtactacta  caaacgggag  atcctggaac  ggggtggatg  ccggcgactc  900
gtctacaagt  ttggcaaaaa  ctcaagcggc  tgggaaggag  aagagggtct  ccagagtcgg  960
aactgagggt  tggaaactata  cccgggacca  aactcacgga  ccactcgagg  cctgcaaacc  1020
ttcctgggag  gacaggcagg  ccagatggcc  cctccactgg  ggaatgctcc  cagctgtgct  1080
gtggagagaa  gctgatgttt  tgggtgtatt  tcagccatcg  tcctgggact  cggagactat  1140
ggcctcgcc  cccaccctc  ctcttggaa  tacaagccct  ggggttgaa  gctgacttta  1200
tagctgcaag  tgtatctcct  tttatctggt  gctcctcaa  acccagtcct  agacactaaa  1260
tgcagacaac  accttcctcc  tgcagacacc  tggactgagc  caaggaggcc  tggggaggcc  1320
ctaggggagc  accgtgatgg  agaggacaga  gcaggggctc  cagcaccttc  tttctggact  1380
ggcgttcacc  tccctgctca  gtgcttgggc  tccacgggca  ggggtcagag  cactcccta  1440
tttatgtgct  atataaatat  gtcagatgta  catagagatc  tattttttct  aaaacattcc  1500
cctccccact  cctctccac  agagtgtctg  actgttccag  gccctccagt  gggctgatgc  1560
tgggaccctt  aggatggggc  tcccagctcc  tttctcctgt  gaatggaggc  agagacctcc  1620
aataaaatgc  cttctgggct  ttttctaacc  tttgtcttag  ctacctgtgt  actgaaat  1680
gggcctttgg  atcgaatatg  gtcaagaggt  tggaggggag  gaaaatgaag  gtctaccagg  1740
ctgaggggtg  gggcaaaggc  tgacgaagag  gggagttaca  gatttcctgt  agcagggtgt  1800
ggcttacaga  cacatggact  gggctgggag  gcgagcaaag  gaagcagctg  agactgttgg  1860
agaacgctta  caagacttca  tgcaagcaag  gacatgaact  cagaacactg  aggtcagaag  1920
catcctgctg  tcatgacacc  gctcgagtga  ccttgacctt  gaccaagtct  gtctgtttat  1980
ggactgattt  ttctatttag  gctagggttt  ggacctgatg  ttctcaagat  gtctagaatt  2040
gcatggctgg  ccttgtggaa  tagatgggtt  tgcattccag  ccaagtgtgc  tgtaaactgt  2100
atatctgtaa  tatgaatccc  agcttttgag  tctgacaaaa  tcagagttag  gatcttgtaa  2160
aggtggagat  gagtacttgc  tgagaaagaa  tgggggaagg  agttggcatt  tgttgaaagt  2220
atagtctttt  tctctggggt  tttttaattg  caacttttac  tttagattt  2269

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:65 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65 :

```

caaaaaaacc tottaatat ctggagtcac cattcccttc gacagcattt tctctgctt 60
tgaaagcccc agaaatcagt gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
tctttgccaa gacctttcaa agccatttta ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
tctttgggta ttagagtttc aacctgaag tctctaacaa tgtattttct tcacctctgc 240
tactcaagta gcatttactg tgtctttggg ttgtgctagg cccccgggtg tgaagcacag 300
accccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaacact gatttccctt 420
tttgccattct cctccttccc ctctcttgta gccctttgac ttctattgga aattaggatg 480
taaattctgct caggagacct ggaggagcag aggataatta gcctctcagg ttaagtgtga 540
gtaattctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgta acttccatgt gagggttttc 600
agcattgata tttgtgcatt tcttaaacag agatgagggt gtatcttcac gtagaacatt 660
ggtattcgtc tgagaaaaaa agaatagttg aacctatttc tctttcttta caagatgggt 720
ccaggattcc tcttttctct gccataaatg attaattaaa tagcttttgt gtcttacc 780
ggtagccagc cagccaaggg tctgtttatg ctcttggggg gcataatatt ggttccattc 840
tcacctatcc acacaacata tccgtatata tccccctac tcttacttcc cccaaattta 900
aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccaccccat tctctcctca cacacagact 960
catattactg gtaggaactt gagaacttta ttccaagtt gttcaaacat ttaccaatca 1020
tattaataca atgatgctat ttgcaattcc tgctcctagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
tactctcta cagggtttggg tacaagtggc aacctgcttc catggccgtg tagaagcatg 1140
gtgccctggc ttctctgagg aaactggggg tcatgacaat ggcagatgta aagttattct 1200
tgaaagtcaga ttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgttc 1260
tctagaaaga atatttggtt tctctgtata ggaatgagat taattccttt ccaggatatt 1320
tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagcca ttttactgt tatcctattt 1380
agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaacaaac attgatgctg acagtcatgc 1440
agtctgggag tggggaagtg atcttttgtt cccatcctct tcttttagca gtaaaatagc 1500
tgagggaaaa gggagggaag aggaagtatt ggggaatacct gtggtggttg tgatccctag 1560
gtcttgaggag ctcttgaggg tgtctgtatc agtggaattc ccatccctct tgggaaatta 1620
gtaggctcat ttactgtttt aggtctagcc tatgtggatt ttttctaac atacctaaag 1680
aaaccacagt tcaggatggg aattcttatt ctctcgttca gttaaagttt tcccttcatt 1740
tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggtagctctc aaccagggat 1800
tgttctgtt taactcttta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
tcaaaaaaaa aaaa

```

1874

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:66 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 687 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:



## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66 :

```

gggccaaagtg cccagtcag gagctgccta taaatgccga gcctgcacag ctctggcaaa 60
cactctgttg ggctcctcgg ctttgacaga gtgcaagacg atgacttgca aaatgtcgca 120
gctggaacgc aacatagaga ccatcatcaa caccttcac caatactctg tgaagctggg 180
gcacccagac accctgaacc agggggaatt caaagagctg gtgcgaaaag atctgcaaaa 240
ttttctcaag aaggagaata agaatgaaaa ggtcatagaa cacatcatgg aggacctgga 300
cacaaatgca gacaagcagc tgagcttcga ggagtccatc atgctgatgg cgaggctaac 360
ctgggcctcc cagcagaaga tgcacgaggg tgacgagggc cctggccacc accataagcc 420
aggcctcggg gagggcacc cctaagacca cagtggccaa gatcacagtg gccacggcca 480
cggccacagt catggtggcc acggccacag ccactaatca ggaggccagg ccacctgcc 540
tctacccaac cagggccccc gggcctgtta tgtcaaactg tcttggtctg ggggctaggg 600
gctggggcca aataaagtct cttcctccaa gtcagtgtc tgtgtgcttc ttccaccttt 660
ctgcaagcct gcctttccag ggtgtgtg                                     687

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67 :

```

gagcaacgct ggagcatccc gctctgggtg cgctgcagcc ggcagagatg gttgagctca 60
tgttcccgct gttgtccttc cttctgcctt tccttctgta tatggctggc ccccaaatca 120
ggaaaatgct gtccagtggg gtgtgtacat caactgttca gcttctctgg aaagtagttg 180
tggtcacagg agctaataca ggtatcggga aggagacagc caaagagctg gctcagagag 240
gagctcgagt atatttagct tgccgggatg tggaaaaggg ggaattggtg gccaaagaga 300
tccagaccac gacaggggaac cagcagggtg tgggtgcggaa actggacctg tctgatacta 360
agtctattcg agcttttgct aagggttct tagctgagga aaagcacctc cacgttttga 420
tcaacaatgc aggagtgatg atgtgtccgt actcgaagac agcagatggc tttgagatgc 480
acataggagt caaccacttg ggtcacttcc tcctaaccce tctgctgcta gagaaactaa 540

```

```

aggaatcagc cccatcaagg atagttaaag tgtcttccct cgcacatcac ctgggaagga 600
tccacttcca taacctgcag ggcgagaaat tctacaatgc aggcctggcc tactgtcaca 660
gcaagctagc caacatcctc ttcacccagg aactggcccg gagactaaaa ggctctggcg 720
ttacgacgta ttctgtacac cctggcacag tccaatctga actgggtcgg cactcatctt 780
tcatgagatg gatgtggtgg cttttctcct ttttcatcaa gactcctcag cagggagccc 840
agaccagcct gcactgtgcc ttaacagaag gtcttgagat tctaagtggg aatcatttca 900
gtgactgtca tgtggcatgg gtctctgccc aagctcgtaa tgagactata gcaaggcggc 960
tgtgggacgt cagttgtgac ctgctgggcc tcccaataga ctaacaggca gtgccagttg 1020
gacccaagag aagactgcag cagactacac agtacttctt gtcaaaatga ttctccttca 1080
aggttttcaa aaccttttagc acaaagagag caaaaccttc cagccttgcc tgcttggtgt 1140
ccagttaaaa ctcatgtgac tgccagattc gtctaaatgt ctgtcatgtc cagatttact 1200
ttgcttctgt tactgccaga gttactagag atatcataat aggataagaa gacctcatal 1260
tgacctgcac agctcatttt ccttctgaaa gaaactacta cctaggagaa tctaagctat 1320
agcagggatg atttatgcaa atttgaacta gcttctttgt tcacaattca gtctcctcca 1380
accaaccagt cttaacttca agagggccac actgcaacct cagcttaaca tgaataacaal 1440
agactggctc aggagcaggg cttgccaaag catggtggat caccggagtc aagtagttca 1500
agaccagcct ggccaacatg gtgaaacc

```

1528

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71 :

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

```

RDTVVGDTG RSVTASRSA PRPWQSQTDS DSDSEGAAG GEADMDFLRN LFSQTLNLSG 60
QKERLLDELT LEGVARYMQS ERCRRVICLV GAGISTSAGI PDFRSPSTGL YDNLEKYHLP 120
YPEAIFEISY FKKHPEPFFA LAKELYPGQF KPTICHYFMR LLKDKGLLLR CYTQNIIDTL 180
RIAGLEQEDL VEAHGTFYTS HCVRPSAGTN TR

```

212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

SLNTAFSNVL HKNRILATQL LSLSVIILP

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:73 :

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

QSQNDFTTDS LESLGAEFRK IPTSMKAKRS TKPSSCPRRY ESAHPSMATT STQPLVRKPW 60  
ATSLKTQTKN H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

SNLVYVLSLH FPFVSFYLKG RPRSVLSYCH IGSKMSTHSL APNH

44

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

ATSFMSYLCI FLYSAIFLKE GPGLYYPTAT

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

IPEDPHIDES KAKHQAIIMS TSLRVSPSIH GYHFDTASRK KAVGNIFENT DQESLERLFR 60  
NSGDKKAEER AKIIFAIDQD VEEKTRALMA LKKRTKDKLF QFLKLRKYSI KVVH 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77 :

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

```
GAEEGRQEAQ GSRKESYSVY VYKVLKQVHP DTGISSKAMG IMNSFVNDIF ERIAGEASRL 60
AHYNKRSTIT SREIQTAVRL LLPGELAKHA VSEGTKAVTK YTSK 105
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(A) LÄNGE: 221 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

```
GSGGNHSVCC DTMEGGGGSG NKTTGGLAGF FGAGGAGYSH ADLAGVPLTG MNPLSPYLVN 60
DPRYLVQDTD EFILPTGANK TRGRFELAFF TIGGCCMTGA AFGAMNGLRL GLKETQNMAL 120
SKPRNVQILN MVTRQGALWA NTLGSLALLY SAFGVIIIEKT RGAEDDLNTV AAGTMTGMLY 180
KCTGGLRGIA RGGLTGLTLT SLYALYNNWE HMKGSLLQQS L 221
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79 :

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```
DNRTLTKGPD TVSTMGQCRS ANAEDAQEPS DVERAIETLI KNFHQYSVEG GKETLTPSEL 60
RDLVTQQLPH LMPSNCGLEE KIANLGSCND SKLEFRSFEW LIGEAASKVK LERPVRGH 118
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```
ASRGAEQDGG ASAARPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNKVP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT 120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF EKARSDMLLS RKNQLLEFS 180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV 240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

MAARALCMLG LVLALLSSSS ABEEVGLSAN QCAVPAKDRV DCGYPHVTPK ECNNRGCCFD 60  
SRIPGVPWCF KPLQEAECTF 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

MDVFLMIRRH KTTIFTDAKE SSTVFELKRI VEGILKRPPD EQRLYKDDQL LDDGKTLGEC 60  
GFTSQARPQ APATVGLAFR ADDTFEALCI EPFSSPPELP DVMKPQDSGS SANEQAVQ 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84 :

- (A) LÄNGE: 195 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

MGRARDAILD ALENLTAEEL KKFKLKLSSV PLREGYGRIP RGALLSMDAL DLTDKLVSFY 60  
LETYGAELTA NVLRDMGLQE MAGQLQAATH QGSGAAPAGI QAPPQSAAKP GLHFIDQHRA 120  
ALIARVTNVE WLLDALYGKV LTDEQYQAVR AEPTNPSKMR KLFSFTPAWN WTCKDLLLQA 180  
LRESQSYLVE DLERS 195





(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

GESRFRPGAD FLLVGGCSGV SGGSGRGWS HGARARRHPG CAGEPDRGA QEVQAEAAVG 60  
AAARGLRAHP AGRAAVHGRL GPHRQAGQL PGDLRRRAHR 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

PGLAAGLATL LLPSPRAAS LVCAPVAGRR PLCQLELRGL TRHYVAGFGR ATRAGQEPNP 60  
SRP 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:89 :

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

GIGCGPRDPP ASLPAPRRLS GLCARRRSQA SLSAGVARAD APLCSGFRAG HACGTGTQFQ 60  
PTLSSRSSSL TSAEVQLPQF LAQVDNYRHK PLKLECPVAG ISIDLSQLSL QLQ 113

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

HASGQDTASM AASKVKQDMP PPGGYGPIDY KRNLPRRGLS GYSMLAIGIG TLIYGHWSIM 60  
KWNRRERRRLQ IEDFEARIAL LPLLQAETDR RTLQMLRENL EEEAIIMKDV PDWKVGESVF 120  
HTTRWVPPLI GELYGLRTTE EALHASHGFM WYT 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

SLALDQMQAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGGHGGKP WVSDFSHPHY 60  
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVTLTF QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120  
NYIEGTKMLA AYLIEVSQLK D 141

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

KMYKFVVFFY VLIILRLGL RLIFRKILHA IRSKFYCGS

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93 :

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

SFQALKFIIR SVRLRRGRSY NIPCQICYHL LAFSFHLRIE HNYFYCSYIA CQIKSFTTKG 60  
V 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(vi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```
FVRESSSGSR WEVGAGAAVA AFSPQVGTMR PAALRGALLG CLCLALLCLG GADKRLRDNH 60
EWKKLIMVQH WPETVCEKIQ NDCRDPPDYW TIHGLWPDKS EGCNRSWPFN LEEIKDLLPE 120
MRAYWPDVIH SFPNRSRFWK HEWEKHGTCA AQVDALNSQK KYFGRSLELY RELDLNSVLL 180
KLGIKPSINY YQVADF KDAL ARVYGVIPKI QCLPPSQDEE VQTIGQIELC LTKQDQQLQN 240
CTEPGEQPSP KQEVWLANGA AESRGLRVCE DGPVFYPPPK KTKH 284
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```
QKRSFLEASA MEFSIIREIG QTSPKWSEFL NPGRELTLIS SLDLIGHWAL VRPQTRPVSP 60
VGF 63
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:96 :

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

SFCLVVLHGL GLKIIPKIHQL TNENVSLCAT LPPAQSEFGT QKRTVYTTHL SPSMYSLWA 60  
DAPIHGNPLT HFKT 74

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

FRRYTSSQMK TSASAPPSLL PKVNLVLRKE LFIPLTFLPA CTHCGQMHQY MVILLILRR 60  
RKLNILL 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

CHLNLTMFLG WSQLEFRVPVC VISSAGWLSS ELLEIFTHAS ANHFEQGCLL VDDLFFMTG 60  
ISGICFLAVF STFLPPW 77

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99 :

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

```
TAAAAAMAPP WVPAMGFTLAP SLGCFVGSRF VHGEGLRWYA GLQKPSWHPP HWVLGPVWGT 60
LYSAMGYGSY LVWKELGGFTE KAVVPLGLYT GQLALNWAWP PIFFGARQMG WALVDLLVS 120
GAAAALPWPG TR 132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:100 :

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```
AAGRGGADAG TAAWLTPARQ CPSRSVPSPL SSPEQQLQQP WPRPGCPPWA SRWRPAWGAS 60
WAPALSTARV SAGTPACRSP RGTRPTGCWA LSGARSTQPW GTAPTWSGKS WEASQRRWF 120
PWASTLGSWP 130
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```
RPFIRAFACS KMAAVSMSVV LRQTLWRRRA VAVAALSVSR VPTRSLRTST WRLAQDQTOD 60
TQLITVDEKL DITTLTGYPE EHIKTRKVRI FVPARNMQS GVNNTKKWKM EFDTRERWEN 120
PLMGWASTAD PLSNMVLTFS TKEDAVSFAE KNGWSYDIEE RKVPKPKSKS YGANFSWNKR 180
TRVSTK 186
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```
QLTRLLQPAL GPGTTAVLLL QISTRPEDLG ETVCSLKPAD RVGQVELGPA RRRRVPRSSG 60
TPSSLSTDTP LTGTPCTPTP SPGSPPCPSP DNGSGSALAP AEGLPL 106
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(A) LÄNGE: 308 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

GSRPFTNPAR KDGAMFFHWR RAAEEGKDYP FARFNKTVQV PVYSEQEYQL YLHDDAWTKA 60  
ETDHLFDLSR REDLREVVIH DRYDHOOEKK ~~PSVEDLKERY YHICAKLANV RAUPOTDEKI 120~~  
PVFDAGHERR RKEQLERLYN RTPEQVAEEE YLLQELRKIE ARKKEREKRS QDLQKLITAA 180  
DTTAEQRRTT RKAPKKKLPO KKEAEKPAVP ETAGIKFPDF KSAGVTLRSQ RMKLPSSVGQ 240  
KKIKALEQML LELGVELSPT PTEELVHMFN ELRRTWCCST SSSRPVPTAS MSCRCCGTVM 300  
RHWPGLVLC 308

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 388 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

IVPFIPCSPE VQSILKISQP QEPELMNANP SPPSPSPSQI NLGPSSNPHA KPSDFHFLKV 60  
IGKGSFGKVL LARHKAEVVF YAVKVLQKKA ILKKKEEKHI MSERNVLLKN VKHPFLVGLH 120  
FSFQTADKLY FVLDYINGGE LFYHLQRERC FLEPRARFYA AEIASALGYL HSLNIVYRDL 180  
KPENILLDSQ GHIVLTDFGL CKENIEHNST TSTFCGTPEY LAPEVLHKQP YDRTVDWWCL 240  
GAVLYEMLYG LPPFYSRNTA EMYDNILNKP LQLKPNITNS ARHLLEGLLQ KDRTKRLGAK 300  
DDFMEIKSHV FFSLINWDDL INKKITPPFN PNVSGPNDLR HFDPEFTEEP VPNSIGKSPD 360  
SVLVTASVKE AAFAFLGFSY APPTDSFL 388

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:



(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```
TDSERGDPSE QTRPWRPPCA LTMAMHFIFS DTAVLLFDFW SVHSPAGMAL SVLVLLLLAV 60
LYEGIKVGKA KLLNQVLVNL PTSISQQTIA ETDGDSAGSD SFPVGRTHHR WYLCHFGQSL 120
IHVIQVVIGY FIMLAVMSYN TWIFLGVVLG SAVGYYLAYP LLSTA 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 478 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```
GLPLGITVPV ARETITSLFN KSSVIGPPLR LILKAQVTRG NLCCPVTVTM QLRNPELHLG 60
CALALRFLAL VSWDIPGARA LDNGLARTPT MGWLHWERFM CNLDCQEEPD SCISEKLFME 120
MAELMVSEGW KDAGYEYLCI DDCWMAQORD SEGRQADPQ RFPHGIRQLA NYVHSKGLKL 180
GIYADVGNKT CAGFPGSFGY YDIDAQTFAD WGVDLLKFDG CYCDSLENLA DGYKHMSLAL 240
NRTGRSIVYS CEWPLYMWPF QKPNYTEIRQ YCNHWRNFAD IDDSWKSIS ILDWTSEFNQE 300
RIVDVAGPGG WNDPDMLVIG NEGLSWNQVQV TOMALWAIMA APLFMSNDLR HISPQAKALL 360
QDKDVIAINQ DPLGKQGYQL ROGDNFEVWE RPLSGLAWAV AMINRQEIGG PRSYTIAVAS 420
LGKGVACNPA CFITQLLPVK RKLGFYEWTS RLRSHINPTG TVLLQLENTM QMSLKDLL 478
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:107 :

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

ESLLLTLDLE KPVSLLLSVT NLYSKNSAQF STILQTLSEF ATFTPSPSIP LSSAYFFFFS 60  
DRVSLCRPGR SAVAQSWGSL QASTSQRASD HHASAPQVGW GLTRRHHTTA GLIFC 115

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

TKLTPGQASP WFPHTPVSL RSSRLTSLPL VCRSLTSRFR STSCLSQTTP SPFQERSRNS 60  
NFESRWNDI 69

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109 :

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

MSPAPSSEPG TSNVKELTER TKSSWMGPGT RLGTRCQKAG SLPRPSLLSI PHIPLSVLVI 60  
WHKELLFSLA KKKKKKKK 78

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

```
FFFFFFFFLAK ENRSSLCQIT RTDRGMWGMD RREGLGRLPA FWHLVPRRVP GPIQELLVRS 60
VNSLTFDVPG SELGAGDI 78
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```
LSETARISRQ GSHLWSLTNY FILLQMANCA EGQSHSHTLQ RLPNCFWKFT PRSGPLQAAG 60
TRGPRGCGTG PGTVRHV 77
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

PITSFCKWKP IVQRDKATAT LFNGYQTVFG NSHQGRAHCR QLAHVARGAV ERVPELSDMF 60  
DFSVSFVLQI RCPNK 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

DCEDLQAGFS PLESDQLLHF ASNGQLCRGT KPQPHSSTVT KLFLEIHTKV GPTAGSWHTW 60  
PEGLWNGSRN CQTCLILAFP LFFKSGAQIS DQHSFCQIGE TIK 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

```

IAAASARRPP FLPRLSAPPS RGARGTMADP RVRQIKIKTG VVKRLVKEKV MYEKEAKQQE 60
EKIEKMRAED GENYDIKKQA EILQESPMMI PDCQRRLEAA YLDLQRILEN EKDL EEAEY 120
KEARLVLDV KLEA 134

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(A) LÄNGE: 171 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

```

SGAVGAERMG APTPLLTGSR VLRAAVWVRG QSGRRWAART ACQPGAPESC AAGPRGAPRP 60
PQPGAFREPR GAHDGGGDGY RAQGGRAGEA QGGAAA AVEA ERCVLTERGL QLF EAKGTGG 120
RPKELSFARI KAVECVESTG RHIYFTLVTE GAARSTSAAP WKIPAGTPRS P 171

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

AWSSSRTSRP SRQCGPGRAS GPGPSCP KPP GAPSF LHATH HLSAEVKAAS LFPLACGGTA 60
VLHVARWKAW TCGGGAGAEG MDEPWEEGR LRAEDEDAA PGWSQTLRTC PAQGLRATGL 120
ASYGMRGSWH RSPLPAVVLP SVLQTALSPL ALCQAWRRV PHGVPSQRLR NQEASLV PKG 180
VPRAWYPGPL QNGLWTHLEK GELLGLKPTP GGLLLRSFW DPHPSRPFLC TLLPPPLRIF 240
PPLRCSA 247

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(A) LÄNGE: 521 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```
SKLNSYYGNV PVIEVKNH PVEVVYLSEAQ KDSFESILRL IFEIHHSGEK GDIVVFLACE 60
QDIEKVCETV YQGSNLNPD LGELVVVPLYP KEKCSLFKPL DETEKRCQVY QRRVVLTSS 120
GEFLIWSNSV RFVIDVGVE RRKVYNPRIRA NSLVMQPI SQAEIRKQIL GSSSSGKFFC 180
LYTEEFASKD MTPLKPAEM QEANLTSMVLF MKRIDIAGLG HCDFMNR PAP ESQMQALEDL 240
DYLAALDNDG NLSEFGIIM SEFPLDPQLSK SILASCEFDC VDEVLTIAAM VTAPNCFSHV 300
PHGAEEAALT CWKTFHPE GDHFTLISIYK AYQDTTLNSS SEYCVEKWC DYFLNCSALR 360
MADVIRAELL EIIKRIELP YAEPAFGSKEN TLNIKKALLS GYFMQIARDV DGSGNYLMLT 420
HKQVAQLHPL SGYSITKKM PEWVLFHKFSI SENNYIRITS EISPELFMQL VPQYYFSNLP 480
PSESKDILQQ VVDHLSPVS TMNKEQQMCET CPETEQRCTL Q 521
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```
MILQRLFRFS SVIRSAVSVH LRRNIGVTAV AFNKELDPIQ KLFVDKIREY KSKRQTSGGP 60
VDASSEYQQE LERELFKLKQ MFGNADMNTF PTFKFEDPKF EVIEKPQA 108
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```
RGFYLPKLKK QNWYLTALPR DHLWALVESR HSKHSTGKRR ICLDSEMRYN SEDTMAESSR 60
GVGGSSY                                         67
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121 :

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

```
AAALALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING                                         129
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

~~(iii) HYPOTHETISCH: ja~~

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

```
SNMAAPSGGW NGVGASLWAA LLLGAVALRP AEAVERSEPTTV AFDVRPGGVV HSFSHNVGPG 60
DKYTCMFTYA SQGGTNEQWQ MSLGTSEDHQ HFTCTIWRPQ GKSYLEFTQF KAEVRGAEIE 120
YAMAYSKAAF ERESVPLKT EEFEVTKTAV AHRPGAFKAE LSKLVIVAKA SRTEL 175
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```
APPGLFPVAS PELKRCGMAR ACLQAVKYL M FAFNLLFWLG GCGVLGVGIW LAATQGSFAT 60
LSSSFPSLSA ANLLIITGAF VMAIGFVGCL GAIKENKCLL LTFFRCCWLE ATIAILFFAY 120
TDKIDRYAQQ DL 132
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 357 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```
VRVKMAAAEA ANCIMEVSCG QAESSEKPNA EDMTSKDYFF DSYAHFGIHE EMLKDEVRTL 60
TYRNSMFHNR HLFKDKVULD VGSGTGILCM FAAKAGARKV IGIECSSISD YAVKIVKANK 120
LDHVVTIIKG KVEEVELPVE KVDIIISEWM GYCLFYESML NTVLYARDKW LAPDGLIFPD 180
RATLYVTAIE DRQYKDYKIH WWENVYGFDI SCIKDVAIKE PLVDVVDPKQ LVTNACLIKE 240
VDIYTVKVED LTFTSPFCLQ VKRNDYVHAL VAYFNIEFTR CHKRTGFSTS PESPYTHWKQ 300
TVFYMEDYLT VKTGEEIFGT IGMRPNAKNN RDLDFITDLD FKGQLCELSC STDYRMR 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```
NQDTPPRTLL PSLSPNQRLG FSSPSGCSPT FPSRLHSPDW TTVAVRLDLK TGPRLG MNGC 60
SPLLLFPPTS LMREVVAFPS QGASMGKVSK ASGGA EYQRR GMAVTISPSP NLSPPFESEW 120
GRVGRDPDL 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 41 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

RQCLLWGHNW CMPAPKGPVF RGHFSQLLPS QMTAPSLEGA Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

QGQDKPSGLW PPGPWFFCPT TWSPHGWLGA CPCVCVTHGV SAGLCPGWEG VYVALTVLAQ 60  
SWWILSMDND TLRIVLVCFS YLWGIFPLRL LGLLLPQGV LRLMRGPLP VSPILSSREV 120  
LTPDS 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

DKGELGASCL PLTGPLHTKE DPRSWQGEFV PLKTCLHFQF GREKRGGYPF SELAPGLGSS 60

HFSRPFLRVW GEHLPRYQYG GNRQGSPPHP QGQDTLRQQQ TQEPGENTP QIGKTNQDNP 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

PHSRHCLYMH PSHLLTEGG NTQLHMLTHS HLLTEGGNTR SSALMRFQTL LPLCKPHPSF 60  
PPDKEIYKSG SLPTLPHSLK KKGLRLGDGE IVTAIPLRWY SAPPEAFETF PIEAP 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

DRLYWKFDPV KVKALEGFPR LVGPDDFGCA SLPTLSSDHG LDALRGADPC QATNIRLETH 60  
GHLGCGGHQA WD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

PLPGHEYQAR DPWPSLWLWA PGMGLSPCLL RGMGWGTTT TTAGRATQVV VTCQRLSQTG 60  
QGGFGMT 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

GGACGRTAEE AARETTRRSR KMRTRREFPV ISVVGYTNCG KTTLIKALTG DAAIQPRDQL 60  
FATLDVTAHA GTLPSRMTVL YVDTIGFLSQ LPHGLIESFS ATLEDVAHSD LILHVRDVSH 120  
PEAESRNAAF CPRCVACSCP PRSWTPWWRF TTRWTSCPGT APRNRTSCPC LPCGATGSRS 180

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

PWALQLHRLI GWSPNHSLEFV KAELTAKQAT MKLSVCLLLV TLALCCYQAN AEFCPALVSE 60  
LLDFFFISEP LFKLSLAKFD APPEAVAANKL GVKRCTDQMS LQKRSLIAEV LVKILKKCSV 120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:138 :

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

LGNHNKHGAI SMLFIRRTVC GVVITLFFLK FFLFLNLIMI LGHDSVFSMT VASTRTRSFP 60  
RSGLPSSVKL SAPTSRTFSS RILSPHARSS SFPIKIRSSE VTFHWRLAKC TTAKSLPYCP 120  
VTIISFTFFT TSAWCLVSST GSGRTTSGQG GELRDVLGTY PGRYEVLCLE NLREADQREA 180  
APGPEGLRML WLHADSRPK VTVREDAAMA AAIFPQPRPE TETTRT 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:139:

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

VRVSVSGRG CGKMAAAMAA SSLTVTLGRL ASACSHSILR PSGPGAASLW SASRRFNSQS 60  
TSYLPGYVPK TSLSSPPWPE VVLPDPVEET RHHAEEVVKV NEMIVTGQYG RLFAVVHFAS 120  
RQWKVTSED ILIGNELDLA CGERIRLEKV LLVGADNFTL LGKPLL GKDL VRVEATVIEK 180  
TESWPRIIMR FRKRKNFKKK RIVTTPQTVL RINSIEIAPC LL 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

MMVAGAGADF VMLGGMLAGH SESGGELIER DGKKYKLFYG MSSEMAMKKY AGGVAEYRYV 60  
WRPRSLVIVW RQNSWLLRGG WYSSQRSMVN RGSMLGSVEK SLGLRNPEGE DNKVFPTLRA 120  
SEGKTVEVPF KGDVEHTIRD ILGGIRSTCT YVGA AKLKL SRRTTFIRVT QQVNPIFSEA 180  
C 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRR QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
YDPRSLYERL QEQKDRKQOE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQOE LIEKQRREEE 120  
LKELKEYRNN LKKVGISQEN KKEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:142:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```
TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRSRSRER KHSRSRSRSE 60
AGKRSRSRSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSFS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 153
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:143:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143

```
KRRNIKTKM IGGTEMTKEI PRKRKNTVEA EAEKGNTVEG VEVEMQNEV EVEAKRNQVN 60
IKMKVKKNQI NEVEVAVKEE LTVLKNQKNG NIVPAKKNLE SVVEAKNVPT NEITVIVRTS 120
QTNMIVEGAK V 131
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:144:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPC PFYPP 144
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

```
RLHRRTGASR SSHSSDSGGS DVDLDPTDGK LFPSDGFRDC KKGDPKHGKR KRGRPRKLSK 60
EYWDCLGK SKHAPRGTHL WEFIRDILIH PELNEGLMKW ENRHEGVFKF LRSEAVAQLW 120
GQKKKNSNMT YEKLSRAMRY YYKREILERV DGRRLVYKFG KNSSGWKEEE VLQSRN 176
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

```
MTCKMSQLER NIETIINTFH QYSVKLGHPD TLNQGEFKEL VRKDLQNFLK KENKNEKVIE 60
HIMEDLDTNA DKQLSFEEFI MLMARLTWAS HEKMHEGDEG PGHHHKPGLG EGTP 114
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 333 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```
ATLEHPALVP LQPAEMVELM FPLLLLLLPF LLYMAAPQIR KMLSSGVCTS TVQLPGKVVV 60
VTGANTGIGK ETAKELAQRG ARVYLACRDV EKGELVAKAI QTTTGNQQVL VRKLDLSDTK 120
SIRAFAGFL AEEKHLHVLI NNAGVMMCPY SKTADGFEMH IGVNHLGHFL LTHLLLEKLK 180
ESAPSRIVNV SSLAHLGRI HFHNLQGEKF YNAGLAYCHS KLANILFTQE LARRLKGSV 240
TTYSVHPGTV QSELVRHSSF MRWMWWLFSF FIKTPQQGAQ TSLHCALTEG LEILSGNHFS 300
DCHVAWVSAQ ARNETIARRL WDVSCDLLGL PID 333
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1624 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149 :

```

TGAGCGGGGG ATGATGGCGC CGCGGAGGGT CAGGTCGTTT CTGCGCGGGC TCCCGGCGCT 60
GCTACNTGCT GCTGCTCTTC CTCGGGCCCT GGCCCGCNTG CGAGCCACGG CGGCAAGTAC 120
TCGCGGGAGA AGAACCAGCC CAAGCCGTCC CCGAAACGCN GAGTNCCGGA GAGGAGTTCC 180
GCATGGAGAA GTTGAACCAG CTGTGGGAGA AGGCCCAGCG ACTGCANTCT TCCTCCCGTG 240
AGGCTGGCCG ANGCTCCACG CTGATCTGAA GATACAGGNA GAGGGACGAA CTCGCCTNGG 300
AAGAACTAA ANGCTTGACG GCTTGGACGA AGATGGGGAG AAGGAAGCGA GACTCATACG 360
CAACCTCAAT GTCATCTTGG CCAAGTATGG TCTGGACGGA AAGAAGGACG CTCGGCAGGT 420
NGACCAGCAA CTCCTCAGT GGCACCCAGG NAAGACGGGC TNNGGATGAC CCCAGGCTGG 480
AAAAGCTGTN GGCACAAGGC GAAGACNCTC TGGGAAATTC TCCGGCGAAG AACNTGGACA 540
AGCTCTGGCG GGAGTTCCTG CATCACAAG AGAAAGTTCA CGAGTACAAC GTCCTGCNTG 600
GAGACCCNTG AGCAGGACCG AAGAAATNCC ACGAGAACGT NCANTTAGCC CCTCGGNACC 660
TGNAGCGACA TNCAAGGGNC AGCGTCCTGC ACAGCAGNGC ACNACGGAGC NNTGAANGGA 720
GAAGCTGCGC AGNATCCAAC CANGGGCCTG GACCGCCTGC GCAGGGTCAG CCACCAGGGC 780
TACAGCACTG AGGCTGAGTT CGAGGAGCCC AGGGTGATTG ACCTGTGGGA CCTNGGCGCA 840
GTCCGCCAAC CTCACGGACA AGGAGCTGGA GCGGTTCCGG GAGGAGCNTC NAAGCACNTT 900
CGAAGCCAAA ATCGNAGAAG CACANACCAC TACCAGAANG CANGCTGGAG ATTGCGCACG 960
AGAAGCTGAG GCACGCAGAG AGCGTGGGNC GANCGGCGNA GCGTGTNGAG CCGCINNAGCC1020
GCGANNGAAG CNACGCCCTG CTGGAGGGGC NGGACCNAAG GNAGCTGGGC TACACGGTGA1080
ANGAAGCATC TGCAGGANCC TGTCCGGCAG GANTCTCCAN NGAGCTCGGC ANCAACGAAN1140
CTCTGAANGG CNATTGGGGA GNCCCNAGCC CGGCANGGGA ANGAGGNNNC CNAGCGTGNA1200
ANGGACCNTG NGGCTCTTGG CCNGTGGCAT TTNCCGTGGA CAGCCCNGCC GTCAGGGTGG1260
CTGGGGCTGG CACNGGGTGT CGAGGCAGGA AGGATNTGTT TCTGGTGACN TGCAGCCGCT1320
GCCGTCGCGA CACANGGGCT TGGTGGTGGT AGCNATTTGG GTCTGAGATC GGCCCAGCNT1380
CTGACTGAAG GGGCTTGGNC TTCCACTCAG CATCAGCGTG GCAGTCACCA CCCCAGTNGA1440
GGACCTCGAT GTCCAGCTGC TGTCAGGTCT GATAGTCCTC TGCTNAAAAC AANCACGATT1500
TACATNAAAA AATCTTACAC ATCTGCCACC GGAAATACCA TGCACAGAGT CCTTAAAAAA1560
TANGAGTGCA GTATTTNNA AACCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1620
AAAA

```

1624

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1756 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150 :

```

AAGCAACCTC GTTTATGTCT TATCTTTGCA TTTTCCTGTA TTCAGCTATT TTCTTAAAGG 60
AAGGCCCAGG TCTGTATTAT CCTACTGCCA CATAGGAAGT AAAATGAGTA CTCACAGCCT 120
TGCGCCTAAT CACTGAACAC AGCTTTTAGT AATGTTTTAC ACAAGAACAG GATATTGGCA 180
ACTCAACTGT TAAGCCTTTC TGTGATTATT CTTCTTGAG ATCACTCTGA TGTCACCAGT 240
GTAATTTGAG CCTGGAGCTT TTGTTACAC TTTAAATAGC AGTCCCAGAA TGATTTCACT 300
ACAGACTCTC TGGAAAGCCT GGGAGCTGAA TTCCGGAAGA TCCCCACATC GATGAAAGCA 360
AAGCGAAGCA CCAAGCCATC ATCATGTCCA CGTCGCTACG AGTCAGCCCA TCCATCCATG 420
GCTACCACTT CGACACAGCC TCTCGTAAGA AAGCCGTGGG CAACATCTTT GAAAACACAG 480
ACCAAGAATC ACTAGAAAGG CTCTTCAGAA ACTCTGGAGA CAAGAAAGCA GAGGAGAGAG 540
CCAAGATCAT TTTTGCCATA GATCAAGATG TGGAGGAGAA AACGCGTGCC CTGATGGCCT 600
TGAAGAAGAG GACAAAAGAC AAGCTTTTCC AGTTTCTGAA ACTGCGGAAA TATTCCATCA 660
AAGTTCAGT AAGAGAAGAG GATGGATAAG GACGTTATCC AAGAATGGAC ATTCAAAGAC 720
CAAGTGAGTT TGTGAGATTC TAACAGATGC AGCATTTTGC TGCTACCTTA CAAGCTTCTC 780
TTCTGTCAGG ACTCCAGAGG CTGGAAAGGG ACCGGGACTG GAAAGGGACC AGGACTGAAC 840
AGACTGGTTA CAAAGACTCC AAACAATTTT ATGCCCTGTG CTGTTACAGA GGAGAACAAA 900
ATGCTTTTCAG CAAGGATTTG AAAACTCTTC CGTCCCTGCA GGAAAGGATT GATGCTGATA 960
GAAGAGCCTG GACAGATGTA ATGAGAACTA AAGAAAACAG ATGGCTGGAG ATGACATTTA1020
TCCAGGGTCA CTTTGTCAGG CCCTAGGACT TAAATCGAAG TTGAACTTTT TTTTTTTTTT1080
AACCAAATAG ATAGGGGAGG GGAGGAGGGA GAGGGAGGAC AGGGAGAGAA AATACCATGC1140
ATAAATTGTT TACTGAATTT TTATATCTGA GTGTTCAAAA TATTTCCAAG CCTGAGTATT1200
GTCTATTGGT ATAGATTTTT AGAAATCAAT AATTGATTAT TTATTTGCAC TTATTACAAT1260
GCCTGAAAAA GTGCACCACA TGGATGTTAA GTAGAAATTC AAGAAAGTAA GATGTCTTCA1320
GCAACTCAGT AAAACCTTAC GCCACCTTTT GGTTTGTAAG AGGTTTTTTT TACATTTCAA1380
ACAGGTTGCA CAAAAGTTAA AATAATGGGG TCTTTTATAA ATCCAAAGTA CTGTGAAAAC1440
ATTTTACATA TTTTTTAAAT CTTCTGACTA ATGCTAAAAC GTAATCTAAT TAAATTTTCAT1500
ACAGTTACTG CAGTAAGCAT TAGGAAGTGA ATATGATATA CAAAATAGTT TATAAAGACT1560
CTATAGTTTC TATAATTTAT TTTACTGGCA AATGTCATGC AACAATAATA AATTATTGTA1620
AACTTTGTGA AAAATAGTCT GTGATGCTTG GTCTCAAAGG AAAAAATAAG ATGGTAAATG1680
TTGATATTTA CAACTTTTTC TAAAGATGTG TCTCTAACAA TAAAAGTTAA TTTTAGAGTA1740
AAAAAACGG CTCGAG 1756

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1638 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151 :

CTCAGTATTA	AGCAACAGAA	AATGAGACTC	ATCGTAGACT	CAGCATAGAC	CCATCACAGA	60
CCTGTCAGAG	GCCGATTGTA	AGCTCGCTGT	AGACCCATGA	TAGCAGACCC	GTAGTCACTA	120
GCACTGGATC	AAATGCAAGC	TTATAAAGCA	TTGGACACCT	CAAGTCTAGT	CGGCGAGCAG	180
GTCACAAGCT	ACCTAACTAA	GAAGTTTGCT	GAAGTACGCA	GCCCCAATGA	GTTCAAGGTG	240
TACATGGGCC	ACGGTGGGAA	GCCCTGGGTC	TCCGACTTCA	GTCACCCTCA	TTACCTGGCT	300
GGGAGAAGAG	CCATGAAGAC	AGTTTTTGGT	GTTGAGCCAG	ACTTGACCAG	GGAAGGCGGC	360
AGTATTCCCG	TGACCTTGAC	CTTTCAGGAG	GCCACGGGCA	AGAACGTCAT	GCTGCTGCCT	420
GTGGGGTCAG	CGGATGACGG	AGCCCACTCC	CAGAATGAAA	AGCTCAACAG	GTATAACTAC	480
ATAGAGGGAA	CCAAGATGCT	GGCCGCGTAC	CTGTATGAGG	TCTCCCAGCT	GAAGGACTAG	540
GCCAAGCCCT	CTGTGTGCCA	TCTCCAATGA	GAAGGAATCC	TGCCCTCACC	TCACCCTTTT	600
CCAACCTGCC	CAGGGAAGTG	GAGGTTCCCT	CTTTCCTTTC	CCTCTTGTCA	GGTCATCCAT	660
GACTTTAGAG	AACAGACACA	AGTGTATCCA	GCTGTCCACG	GGTGGAGCTA	CCCGTTGGGC	720
TTATGAGTGA	CCTGGAGTGA	CAGCTGAGTC	ACCCTGGGTA	AGTTCTCAGA	GTGGTCAGGA	780
TGGCTTGACC	TGCAGAAGAT	ACCCAAGGTC	CAAAAGCACA	AGGTCTGCGG	AAAGTTCTGG	840
TTGTCGGCTG	GGCACCACGG	CTCACACCTA	TAATCGAGCA	CTTTGGGAGG	CCAAGACAGG	900
AGGATCACTT	GAGGCCAGGA	GTCTGAGACA	AGCCTAGGCA	ACAAAACAAG	ACTCTGTCTC	960
TACAAAAAGT	TTAAGAAATG	AGCCAGACAT	GGTGGTGTAT	GCCTGTAGTC	CCAGCCACTC	1020
AGAAGGCTGA	GGCAGGAGGA	TCGCTTGAGA	CCAAGAGTTT	GAGCCTGCGG	TGAGCTGTGA	1080
ATGCACCACG	GCACTCAAGC	CTGGGCAATG	TAGCAAGATC	CTGTCTCTAC	AAGAAATTTT	1140
TTAAAAATGA	GCCAAGTGTG	GTGGTGCATG	CCTGTAGTTC	CAGCTACTCA	GGACACTGAC	1200
GTAGGAGGGT	TGCTTGAGAC	TGAGAGTTGG	AGGCTGCGAT	GAGCCATGAA	TGCCCCACTG	1260
CACTCCAGCC	TGGGCGACAG	AACGAGACCC	CATCTCAAAA	AAAATAAGTT	CTGGTTGTCA	1320
TTGAATTGGG	ATAAACAGAG	AGCTTGATGC	TTTCTGCCTT	CTGTCTCAGG	TGATGCATTG	1380
CACATTTGGG	ATATTTGGAA	AGGAAATGAG	GAAAGAAATT	AGGGCCTCCT	CTGATCTCTC	1440
GCTATCTGCG	GGTCCTGTCC	TTTTCTCAAG	ACCTTCACCA	TTACTGGTGT	TTTCCTGTCT	1500
TCTCTTTAGT	ATGATCCCTC	AAAACCTCAC	TAACTGGAAG	GATGATTTTG	TCTCAGTTTG	1560
TACTCCTAAA	TAAAAAGTAA	ACATGACACC	TCTAAAAAAA	AAAAAAAAAA	AAAAAAAAAA	1620
AAAAAAAAAA	AAAAAAA					1638

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2589 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152 :

```
CAACCAGGGA GATTTCTCCA TTTTCCTCTT GTCTACAGTG CGGCTACAAA TCTGGGATTT 60
TTTTATTACT TCTTTTTTTT TCGAACTACA CTTGGGCTCC TTTTTTTGTG CTCGACTTTT 120
CCACCCTTTT TCCCTCCCTC CTGTGCTGCT GCTTTTTGAT CTCTTCGACT AAAATTTTTT 180
TATCCGGAGT GTATTTAATC GGTTCTGTTC TGTCCTCTCC ACCACCCCA CCCCTCTCC 240
TCCGGTGTGT GTGCCGCTGC CGCTGTTGCC GCCGCCGCTG CTGCTGCTGC TCGCCCCGTC 300
GTTACACCAA CCCGAGGCTC TTTGTTTCCC CTCTTGGATC TGTGAGTTT CTTTGTTGAA 360
GAAGCCAGCA TGGGTGCCCA GTTCTCCAAG ACCGCAGCGA AGGGAGAAGC CGCCGCGGAG 420
AGGCCTGGGG AGGCGGCTGT GGCTCGTCG CCTTCCAAAG CGAACGGACA GGAGAATGGC 480
CACGTGAAGG TAAACGGCGA CGCTTCGCC GCGGCCGCCG AGTCGGGCGC CAAGGAGGAG 540
CTGCAGGCCA ACGGCAGCGC CCCGGCCGCC GACAAGGAGG AGCCCCGCGC CGCCGGGAGC 600
GGGGCGGCGT CGCCCTCCTC GGCCGAGAAA GGTGAGCCGG CCGCCGCGC TGCCCCGAG 660
GCCGGGGCCA GCCCGGTAGA GAAGGAGGCC CCCGCGGAAG GCGAGGCTGC CGAGCCCGGC 720
TCGGCCACGG CCGCGGAGGG AGAGGCCGCG TCGGCCGCTT CCTCGACTTC TTCGCCCAAG 780
GCCGAGGACG GGGCCACGCC CTCGCCCAGC AACGAGACCC CGAAAAAAAA AAAGAAGCGC 840
TTTTCTTTCA AGAAGTCTTT CAAGCTGAGC GGCTTCTCCT TCAAGAAGAA CAAGAAGGAG 900
GCTGGAGAAG GCGGTGAGGC TGAGGCGCCC GCTGCCGAAG GCGGCAAGGA CGAGGCCGCC 960
GGGGGCGCAG CTGCGGCCGC CGCCGAGGCG GCGCGGCCCT CCGGGGAGCA GGCAGCGGCG 1020
CCGGGCGAGG AGGCGGCAGC GGGCGAGGAG GGGGCGGCGG GTGGCGACCC GCAGGAGGCC 1080
AAGCCCCAGG AGGCCGCTGT CGCGCCAGAG AAGCCGCCCG CCAGCGACGA GACCAAGGCC 1140
GCCGAGGAGC CCAGCAAGGT GGAGGAGAAA AAGGCCGAGG AGGCCGGGGC CAGCGCCGCC 1200
GCCTGCGAGG CCCCTCCGC CGCCGGGCCG GCGCGGCCCG CCGAGCAGGA GGCAGCCCCC 1260
GCGGAGGAGC CCGCGGCCGC CGCAGCCTCG TCAGCCTGCG CAGCCCCCTC ACAGGAGGCC 1320
CAGCCCCAGT GCAGTCCAGA AGCCCCCCCC GCGGAGGCGG CAGAGTAAAA GAGCAAGCTT 1380
TTGTGAGATA ATCGAAGAAC TTTTCTCCCC CGTTTGTGTT TGAGAGTGGT GCCAGGTACT 1440
GTTTTGGAGA ACTTGTCTAC AACCAGGGAT TGATTTTAAA GATGTCTTTT TTTATTTTAC 1500
TTTTTTTAA GCACCAAATT TTGTTGTTTT TTTTTTCTC CCCTCCCCAC AGATCCCATC 1560
TCAAATCATT CTGTTAACCA CCATTCCAAC AGGTCGAGGA GAGCTTAAAC ACCTTCTTCC 1620
TCTGCCTTGT TTCTCTTTTA TTTTTTATTT TTTCGCATCA GTATTAATGT TTTTGCATAC 1680
TTTGCATCTT TATTCAAAAG TGTAACCTTT CTTTGTCAAT CTATGGACAT GCCCATATAT 1740
GAAGGAGATG GGTGGGTCAA AAAGGGATAT CAAATGAAGT GATAGGGGTC ACAATGGGGA 1800
AATTGAAGTG GTGCATAACA TTGCCAAAT AGTGTGCCAC TAGAAATGGT GTAAAGGCTG 1860
TCTTTTTTTT TTTTTTTAAA GAAAAGTTAT TACCATGTAT TTTGTGAGGC AGGTTTACAA 1920
CACTACAAGT CTTGAGTTAA GAAGGAAAGA GGAAAAAAGA AAAAACACCA ATACCCAGAT 1980
TTAAAAAATA AAAAACGATC ATAGTCTTAG GAGTTCATTT AAACCATAGG AACTTTTCAC 2040
TTATCTCATG TTAGCTGTAC CAGTCAGTGA TTAAGTAGAA CTACAAGTTG TATAGGCTTT 2100
ATTGTTTATT GCTGGTTTAT GACCTTAATA AAGTGTAATT ATGTATTACC AGCAGGGTGT 2160
TTTAACTGT GACTATTGTA TAAAAACAAA TCTTGATATC CAGAAGCACA TGAAGTTTGC 2220
AACTTTCCAC CCTGCCCAT TTTGTAAAC TGCAGTCATC TTGGACCTTT TAAACACAA 2280
ATTTTAACT CAACCAAGCT GTGATAAGTG GAATGGTTAC TGTTTATACT GTGGTATGTT 2340
TTTGATTACA GCAGATAATG CTTTCTTTTC CAGTCGTCTT TGAGAATAAA GGAAAAAATA 2400
TCTTCAGATG CAATGGTTTT GTGTAGCATC TTGTCTATCA TGTTTTGTAA ATACTGGAGA 2460
AGCTTTGACC AATTGACTT AGAGATGGAA TGTAACCTTG CTTACAAAAA TTGCTATTAA 2520
```

ACTCCTGCTT AAGGTSTTCT AATTTTCTGT GAGCACACTA AAAGCGAAAA ATAAATGTGA2580  
ATAAAATGT 2589

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2963 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153 :

```

CTGCAACACC ACCTTCGGTG ACGGGCCTGA CATGCTGCGC ACAGACTTGG GCGAGTCCAC 60
CGCCTCGCTG GACAGCATCG TCAGGGATGA AGGGATCCAG AAGCTCGGCG TGTCTCTTGG 120
GCTGGTGAGG GGCAGCCACG GAGAGCCAGA CGCGTCCCTC ATGCCCAGGA GCTGCAAGGA 180
TCCCCCTGGC CACGATTCCG ACTCAGATAG CGAGCTGTCC CTGGATGAGC AGAGCAGCTC 240
TTACGCTTCC TCACACTCGT CAGACAGCGA GGACGATGGG GTGGGAGCTG AGGAAAAATG 300
GGACCCGGCC AGGGGCGCCG TCCACAGCAC CCCCAGAGGG GACGCTGTGG CCAACCACGT 360
TCCGGCCGGC TGGCCCGACC CAGAGCCTGG CTGAGAGTGA CAGTGAGGAC CCCAGCGGCA 420
AGCCCCGCCT GAAGGTGGAG ACCAAGGTCA GCGTGGAGCT GCACCGCGAG GAGCAGGGCA 480
GTCACCGTGG AGAGTACCCC CCGGAACCAG GAGAGCGGGG GCGCACAGGG CTTGCTAGCA 540
GCCAGCCCCC AGAGCAGAGG AAAGGCATCT TGAAAAATAA AGTCACCTAC CCGCCGCCGC 600
TGACGCTGAC GGAGCAGACG CTGAAGGGCC GGCTCCGGGA GAAGCTGGCC GACTGTGAGC 660
AGAGCCCCAC ATCTTCGCGC ACGTCTTCCC TGGGCTCTGG CGGCCCCGAC TGCGCCATCA 720
CAGTCAAGAG CCCTGGGAGG GAGCCGGGGC GTGACCACCT CAACGGGGTG GCCATGAATG 780
TGCGCACTGG GAGCGCCCAG GCCGATGGCT CCGACTCTGA AGGCAGTAAT GAAACTTCAA 840
TTTGAACCAT CAGTAATGAA ACTTCAATTT GAACCATCAG GAAACCGTGA GGCAAGCCCG 900
TCACCCCA CAAGGCTGCGG CATCACCCTC AGACCTTGGG GCCCAAGGGG CCACTGCCCT 960
TGAAGTGGAG TGGGCCCA GA GTGTGGCGGT CCCCATGGTG GCAGCCCCC GACTGATCAT 1020
CCAGACACAA AGGTCTTGGT TCTCCCAGGA GCTCAGGGCC TGTGAGACCT GGTGACAAGT 1080
GCCAAAGGCC ACAGGCATGA GGGAGGCGTG GACCACTGGG CCAGCACCGC TGAGTCCTAA 1140
GACTGCAGTC AAAGCCAGAA CTGAGAGGGG ACCCCAGACT GGGCCCAGAG GCTGGCCAGA 1200
GTTCAAGAAC GCCGGGCACA GACCAAAGAC CGCGGTCCAG CCCCGCCAG GCGGGCATCT 1260
CATGGCAGTG CGGACCCGTG GCTGGCAGCC CGGGCAGTCC TTTGCAAAGG CACCCCTTGT 1320
CTTAAATCA CTTCGCTATG TGGGAAAGGT GGAGATACTT TTATATATTT GTATGGGACT 1380
CTGAGGAGGT GCAACCTGTA TATATATTGC ATTCTGTCTG ACTTTGTTAT CCCGAGAGAT 1440
CCATGCAATG ATCTCTTGCT GTCTTCTCTG TCAAGATTGC ACAGTTGTAC TTGAATCTGG 1500

```

```

CATGTGTTGA CGAAACTGGT GCCCCAGCAG ATCAAAGGTG GGAAATACGT CAGCAGTGGG1560
GCTAAAACCA AGCGGCTAGA AGCCCTACAG CTGCCCTTCG CCAGGAAGTG AGGATGGTGT1620
GGGCCCTCCC CGCCGGCCCC CTGGGTCCCC AGTGTTCCGT GTGTGTGCGT TTGTCCTCTG1680
CTGCCATCTG CCCC GGCTGT GTGAATTCAA GACAGGGCAG TGCAGCACTA GGCAGGTGTG1740
AGGAGCCCTG CTGAGGTCAC TGTGGGGCAC GGTTGCCACA CGGCTGTCAT TTTTCACCTG1800
GTCATTCTGT GACCACCACC CCCTCCCCTC ACCGCCTCCC AGGTGGCCCG GGAGCTGCAG1860
GTGGGGATGG CTTTGTCTCT TGCTCCTGCT CCCCCTGGGA CCTGGGACCT TAAAGCGTTG1920
CAGGTTCCTG ATTTGGACAG AGGTGTGGGG CCTTCCAGGC CGTTACATAC CTCCTGCCAA1980
TTCTCTAACT CTCTGAGACT GCGAGGATCT CCAGGCAGGG TTCTCCCCTC TGGAGTCTGA2040
CCAATTACTT CATTTTGCTT CAAATGGCCA ATTGTGCAGA GGGACAAAGC CACAGCCACA2100
CTCTTCAACG GTTACCAAAC TGTTTTTGGA AATTCACACC AAGGTCGGGC CCACTGCAGG2160
CAGCTGGCAC ACGTGGCCCC AGGGGCTGTG GAACGGGTCC CGGAAGTGTC AGACATGTTT2220
GATTTTAGCG TTTCCTTTGT TCTTCAAATC AGGTGCCCAA ATAAGTGATC AGCACAGCTG2280
CTTCCAAATA GGAGAAACCA TAAAATAGGA TGAAAATCAA GTAAAATGCA AAGATGTCCA2340
CACTGTTTTA AACTTGACCC TGATGAAAAT GTGAGCACTG TTAGCAGATG CCTATGGGAG2400
AGGAAAAGCG TATCTGAAAA TGGTCCAGGA CAGGAGGATG AAATGAGATC CCAGAGTCCT2460
CACACCTGAA TGAATTATAC ATGTGCCTTA CCAGGTGAGT GGTCTTTTGA AGATAAAAAA2520
CTCTAGTCCC TTAAACGTT TGCCCCTGGC GTTTCCTAAG TACGAAAAGG TTTTAAAGTC2580
TTCGAACAGT CTCCTTTTCT GACTTTAACA GGATTCTGCC CCCTGAGGTG TAATTTTTTT2640
GTTCTATTTT TTTCACGTA CTCCACAGCC AACATCACGA GGTGTAATTT TTAATTTGAT2700
CAGAACTGTT ACCAAAAAAC AACTGTCAGT TTTATTGAGA TGGGAAAAAT GTAAACCTAT2760
TTTTATTACT TAAGACTTTA TGGGAGAGAT TAGACACTGG AGGTTTTTAA CAGAACGTGT2820
ATTTATTAAAT GTTCAAACA CTGGAATTAC AAATGAGAAG AGTCTACAAT AAATTAAGAT2880
TTTTGAATTT GTAAAAGAAA AAAAAGGGGG GGGAGAGGAA GGAGAGAAGA AGAAAAAAA2940
GACGAAAAAA GAGAAAGTTG TTA

```

2963

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154 :

```

CCGCAGAGGG CCGGGGCTAC GGGGCAGCCC CGGGCGATGA GGGGCCGGCG TTGACCGGGA 60
AGAGCGGGCA CCGCGGCAGT GGCTCCGAGG GGACCCGCGA TGGCAGCGCC CTGAGAGGAG 120

```

GCTCCAGGCA	GGGCGGGCTG	CGCTGGCAGC	GGCCGCTGAG	GTGCTGGCCG	GCCGGCTGGC	180
TGSCGACGGG	GGCAGAAGCG	ACGAGAGGCG	CGCTCGGCAC	CCGCACCCCC	GTGCCCCCGC	240
CTCAGTTGTC	TAAACTTCGG	GCTCTCTTCC	ACCGTCTGCG	CGCCCAGAGT	CAACAACCTC	300
TTACCCCCCC	TCCGCCCCCG	CCCTTCCCTC	CGTCAGCCCC	GGGAGCTCGC	CGCGGCCCGG	360
GGACCAGGAA	CCTCCAGCGC	TGAGATGTGG	CCGTGAGGCG	TTGGCGGGCG	CCGAGGAGAA	420
GCTCGGCGGC	GTCCCCGGGG	CGGAGGGCCG	TGGGGCCGGG	GCGCAGGGGC	GCGAGCACCC	480
CGCGCCTCTC	CCCCGCTTCC	TCCTGCCGTC	TCCGCGCGTG	CCCGTGCCCT	GCAAGCAGCA	540
GCCGGAGCTG	CCAAGCGTCA	GGGCCGCGGA	GATGTCGTCG	TCGTGCGCCG	CGGCGGGGGC	600
TGCCAGCGCC	GCCATCTCGG	CCTCGGAGAA	AGTGGACGGC	TTCACCCGGA	AATCGGTCCG	660
CAAGGCGCAG	AGGCAGAAGC	GCTCCAGGG	CTCGTCGCAG	TTTCGCAGCC	AGGGCAGCCA	720
GGCAGAGCTG	CACCCGCTGC	CCCAGCTCAA	AGATGCCACT	TCAAATGAAC	AACAAGAGCT	780
TTTCTGTGTC	AAGTTGCAGC	AGTGTGTAT	ACTGTTTGAT	TTCATGGACT	CTGTTTCAGA	840
CTTGAAGAGC	AAAGAAATTA	AAAGAGCAAC	ACTGAATGAA	CTGGTTGAGT	ATGTTTCAAC	900
TAATCGTGGT	GTAATTGTTG	AATCAGCGTA	TTCTGATATA	GTAATAATGA	TCAGTGCTAA	960
CATCTTCCGT	ACACTTCCTC	CAAGTGATAA	TCCAGATTTT	GATCCAGAAG	AGGATGAACC	1020
CACGCTTGAG	GCCTCTTGGC	CTCACATACA	GTTGGTATAT	GAATTCCTCT	TGAGATTTTT	1080
GGAGAGCCCT	GATTTCCAGC	CTAGCATTGC	AAAACGATAC	ATTGATCAGA	AATTCGTACA	1140
ACAGCTCCTG	GAGCTTTTTG	ATAGTGAAGA	TCCCAGAGAA	CGTGACTTCC	TGAAGACTGT	1200
TCTGCACCGA	ATTTATGGGA	AATTTCTTGG	ATTAAGAGCA	TTCATCAGAA	AACAAATTA	1260
CAACATTTTC	CTCAGGTTTN	ATATATGAAA	CAGAACATTT	CAATGGTGTT	GCTGAACCTC	1320
TTGAAATATT	AGGAAGTATT	ATCAATGGCT	TTGCATTGCC	ACTGAAAGCA	GAACATAAAC	1380
AATTTCTAAT	GAAGGTTCTT	ATTCTATGCT	ATACTGCAAA	AGGATTAGCT	TTGTTTCATG	1440
CTCAGCTAGC	NATATTGTGT	TGTANCAGTT	CCTGGAGAAA	GATACAACAC	TAACAGAGCC	1500
NAGTNGATCA	GAGGACTGCT	GAAATTTTGG	CCAAAAACCT	GCAGTCAGAA	AGAGGTGATG	1560
TTTTTAGGAG	AAATTGAAGA	AATCTTAGAT	GTCATTGAAC	CAACACAGTT	CAAAAAAATT	1620
GAAGAGCCAC	TTTTCAAGCA	GATATCCAAG	TGTGTATCCA	GTTCTCATTT	TCAGGTTGCA	1680
GAAAGGGCAT	TGTAATTNCT	NGGAATAACG	AATATATTCT	TAGTTTGNAT	TGAGGAGAAC	1740
ATTGATAAAA	TTCTGCCAAT	TANTGTTTGC	CAGTTTGTAC	AAAATTTNCC	AAAGAACACT	1800
GGNAATCCGA	CCATTGNTAG	CACTNGGTAT	ACAATGTGCT	GAAAACCCTA	ATGGNAAATN	1860
GAATGGCAAG	CTTTTCGATG	ACCTTACTAG	CTCATACAAA	GCTGAAAGAC	AGAGAGAGAA	1920
AAAGAAGGAA	TTGGAACGTG	AAGAATTATG	GAAAAAATTA	GAGGAGCTAA	AGCTAAAGAA	1980
AGCTCTAGAA	AAACAGAATA	GTGCTTACAA	CATGCACAGT	ATTCTCAGCA	ATACAAGTGC	2040
CGAATAAAAA	AAAAGCCTCC	CACCTCTGCC	GGATAGGCAG	AGNNTTTTGT	ATGCTTTTTT	2100
GAAATATGTA	AAAATTACAA	AACAAACCTC	ATCAGTATAA	TATAATTNAA	AAGGCCAATT	2160
TTTTNCTNGG	CAACTGTNAA	ATGGAAAAAT	ATATNNNGGA	CTAAACGTNA	GCCCTGTGNC	2220
TGTATCATGG	CCATAGTATA	TTGTAACCTT	TGCTAATCA	TTGGATTTAT	TGTGTCACTT	2280
CTGAAGTTTC	ACAGAAATGA	ATGAATTTTA	TCATCTATGA	TATGAGTGAG	ATAATTATGG	2340
GAGTGGTAAG	AATTATGACT	TGAATTTCTC	TTTGATTGTG	TTGCACATAG	ATATGGNTAG	2400
TCTGCTCTGT	ATATTTTTCC	CTTTTATAAT	GTGCTTTTCA	CACTGCTGCA	ANACCTTAGT	2460
TACATCCTAG	GAAAAAATAC	TTCTTAAAT	AAAACCTAAG	TATCATCCTT	ACCCNTTCTC	2520
TTTGTCTCAC	CCAGNAAATA	TGATNNGGGG	GGAATTACCT	GCCCTNAACC	CCTCCCTCAA	2580
TAAATACATT	ACTGTACTCT	GGNAATTTAN	GGCAAAACCT	NTAAATCTNN	CCAGGCTTTT	2640
TAAAGNCACA	AAATNATAAA	TAAAAGCTGG	GAAAGTAAAC	CAAAATTCTT	CAGATTGTTT	2700
CTCATGAATA	TCCCCCNTTC	CTCTNGCNAA	TTCTNCCAGA	GTGGTAANCA	GATGGGTAGA	2760
GGCNAGCTCN	AGGTGAATTA	CCCNAGCTTG	CCTNCTNCAA	NTTNCATTCC	NTCCTCTTNC	2820
CTCTNCAAN	GGCTNGANAG	GCAGGGCCTT	TNCCAGTCCT	CACAACCTGT	CCTTNCANCC	2880
TAGNTCCCTC	CTGANNCCCA	NGGGATGGNA	GGNCTTTNGA	GNTCCACAG	TGTNGGNTGA	2940
TNACAGAGCA	CNTAGTTGTN	CACTGNCCTG	GCTTTATTTA	AAGGAACCTG	AGTAGGCTTC	3000
CTCTGTAGAG	CTCTGAAAAG	GTTGACTATA	TAGAGGTCTT	GTANTGTTTT	TACTTGGTCA	3060
AGTATTTCTC	ACATCTTTTG	TTATCAGAGT	ACCATTCCNA	ATCTCTTAAC	TTGCAGTTGT	3120
GTGGAAACT	GTTTTGTAAT	GAAAGATCTT	CATTGGGGGA	TTGAGCAGCA	TTTAATAAAG	3180
TCTATGTTTG	TATTTTGCCT	TAAAAAATAA	AAAAAATAAA	AAGGGGGGTA	GCCA	3234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:



- (A) LÄNGE: 3080 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155 :

```
GCGCAGGCGC AGTGGTGAGC GGCAACATGG CGTCCAGGTC TAAGCGGCGT GCCGTGGAAA 60
GTGGGGTTCC GCAGCCGCCG GATCCCCCAG TCCAGCGCGA CGAGGAAGAG GAAAAAGAAG 120
TCGAAAATGA GGATGAAGAC GATGATGACA GTGACAAGGA AAAGGATGAA GAGGACGAGG 180
TCATTGACGA GGAAGTGAAT ATTGAATTTG AAGCTTATTC CCTATCAGAT AATGATTATG 240
ACGGAATTAA GAAATTACTG CAGCAGCTTT TTCTAAAGGC TCCTGTGAAC ACTGCAGAAC 300
TAACAGATCT CTTAATTCAA CAGAACCATA TTGGGAGTGT GATTAAGCAA ACGGATGTTT 360
CAGAAGACAG CAATGATGAT ATGGATGAAG ATGAGGTTTT TGGTTTCATA AGCCTTTTAA 420
ATTTAACTGA AAGAAAGGGT ACCCAGTGTG TTGAACAAAT TCAAGAGTTG GTTCTACGCT 480
TCTGTGAGAA GAACTGTGAA AAGAGCATGG TTGAACAGCT GGACAAGTTT TTAAATGACA 540
CCACCAAGCC TGTGGGCCTT CTCCTAAGTG AAAGATTCAT TAATGTCCCT CCACAGATCG 600
CTCTGCCCCA GTACCAGCAG CTTCAGAAAG AACTGGCGGG GGCACACAGA ACCAATAAGC 660
CATGTGGGAA GTGCTACTTT TACCTTCTGA TTAGTAAGAC ATTTGTGGAA GCAGGAAAAA 720
ACAATTCCAA AAAGAAACCT AGCAACAAAA AGAAAGCTGC GTTAATGTTT GCAAATGCAG 780
AGGAAGAATT TTTCTATGAG AAGGCAATTC TCAAGTTCAA CTAATCAGTG CAGGAGGAGA 840
GCGACACTTG TCTGGGAGGC AAATGGTCTT TTGATGACGT ACCAATGACG CCCTTGCGAA 900
CTGTGATGTT AATTCCAGGC GACAAGATGA ACGAAATCAT GGATAAACTG AAAGAATATC 960
TATCTGTCTA ACCCATTTCC AATGGACAGT GATGGGCTTG TTTTGTAAA ATTACCAGAA1020
AACTCAGTGG AGATTTACTG AAAAATCAG ACTTTATTCA GATTAAGTTC CTCTACAAAA1080
AGTAGGGTTC TGTCCCATGT GTCTCTGACA CATTTACAAA ATACCAGTTT TTTAAAATTT1140
TGGTCAAATT ATGAGTGGTT GATTTAAAAA CTTTTCAGG AAGAAGAAAA GCATGGAGTC1200
GTAATTTAAA GAACTCAATA AAAACTTCTA TTTTATTTT TAAAATAATA TACACAGTGT1260
TATTTTCTTC AAGACCGTCC TGTGGATGTG AAATCCGTCT TCGCGTCATG TATCTCCCAT1320
ATCCAGCAGT TCAGCCATCC AGCTACCTTT GGGACCCTGC TGCACCTTGT GTTGCTGGG1380
GAGTCACTGG AGAGTGCATC TCTGTTTCA GTTCAAGGCAC GTCTCACACA TTTGCTGTTT1440
CTTATTCATT GTTGACACAG GGGATAGGTG ATCCACTACT TGCTGTAGAA TGCTCTTACT1500
TTCCTAGGGA GGCAGATTAC TGAAATAGTA TTGTGGTACC AGCTGCATAA ATAGTTCAGG1560
AGAGATTTCT GAGGTAATCC TGATGTAGTT GTTCTCAGAA ATGCTGAATT TATGGAAGAG1620
GACCCACTCT GGCATCTTCT TGGTGATTGA GTAACCAGAC AGGGGATGCA GCTGAGCAAC1680
CTGCTTATGT GTCAGCATTA AGTAGTTACC TGATCCATCA ACATCCCGAG CAATCTGCAT1740
AAAGTAACCG GACAGAAGAG CTTTCTTTAT GTTTAGAGTG TTTTCCTTGG AGCCAAAAGC1800
AGGTTCTGCA TAGGGAAGCT CGATTGCTT GATAATTTCT AAGAGTTCAG CTCGAATAAC1860
ATCTGCCATT CTGAGTGCTG AACAGTTGAG GAAGTAATCA CGACACCACT TTCCACACA1920
```

```

GTACTCACTG CTAGAATTCA GAGTTGTGTC TTGGTAAGCC TTGTAAATGC TGATGAGGGT1980
AAAGTGATCT CCTTCGGGAT GTAAAAATGT CTTCCAACAA GTCAAGGCAG CCTCTTCAGC2040
TCCATGTGGC ACATGTGAAA AGCAATTTGG AGCTGTTACC ATGGCCGCGA TTGTTAGCAC2100
TTCATCTACA CAGTCAAATT CACAGGACGC TAAGATAGAC TTCGAGAGTT GTGGATCAAG2160
AGGAAACTCT GACATGATGA TTCCAAATTC AGAAAGATTT CCATCATTAT CCAGTGCTGC2220
CAGATAATCT AAGTCTTCCA ATGCCTGCAI CAAACTTTCT GGTGCTGGTC TGTTTCATGAA2280
GTCACAGTGG CCTAGGCCCC CAATGTCTAT CCTCTTCATA AAAAGCACCA TGCTTGTTAG2340
GTTGGCTTCC TGCATTTCTG CTGGCTTCAG TGGCGTCATG TCTTTGGAGG CAAATTCCTC2400
AGTGTACAGG CAGAAAAATT TTCCTGAAGA AGATGAGCCA AGAATCTGCT TGCGTATCTC2460
TGCCTGGCTC TGGCTGATGG GCTGCATGAC GAGCGAGTTT GCTCTTATTC TCGGGTTGTA2520
CACCTTTCTT CTTTCCACAC CCACATCGAT AACAAATCTG ACTGAGTTGC TCCAGATCAA2580
AAACTCTCCA GAGCTAGTAG TTAACACCAC TCTTCTTTGA TAAACTTGGC ATCTTTTTTC2640
TGTTTCATCG AGTGGCTTGA ACAATGAACA TTTCTCTTTT GGATACAAAG GAACAACCAC2700
CAGTTCTCCA AGATCTGGGT TTAGGTTAGA TCCTTGATAG ACAGTTTCAC AGACTTCTC2760
AATATCTTGT TCACAGGCCA GAAAGACTAC AATGTCACCT TTCTCACCCG AGTGGTGAAT2820
TTCAAAGATA AGGCGTAAAA TAGACTCAAA AGAATCCTTT TGAGCCTCAC TAAGGTACAC2880
AACCTCCACA GGGTGTATTAT TTTTCACTTC TATGACAGGC ACGTTTCCAT AATAAGAATT2940
GAGTTTGCTG ATCAGGTGAG GTGAGGAGTT AATTATGAGC TTCAGTTCTG GTCTTGCTAG3000
TAAAACATCT TTAAGAAGTC CAAGTAACAC ATCAGTTGCA ATGCTTCTTT CATGAATATC3060
ATCTAAGATG ATGACCCCAT

```

3080

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2407 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156 :

```

GAGTGAGTGA GTGTGTTGCA TCGAATTAAG GACTCTTGAA GAGAAGAGAG GTCCATTCAG 60
GGTTGTCCAG ATTGAAGTGA GGTCTCACGG TGAAAAGAAA AGGAAAATAT TCAGACTCTC 120
TTGAAATCCA AAGAGCAAGA AGTAAATGAA CTTCTGCAAA AATTCCAGCA AGCTCAGGAA 180
GAACTTGCAAG AAATGAAAAG ATACTCTGAG AGCTCTTCAA AACTGGAGGA AGATAAAGAT 240
AAAAAGATAA ATGAGATGTC GAAGGAAGTC ACCAAATTGA AGGAGGCCTT GAACAGCCTC 300
TCCCAGCTCT CTTACTCAAC AAGCTCATCC AAAAGGCAGA GTCAGCAGCT GGAGGCGCTG 360
CAGCAGCAAG TCAAACAGCT CCAGAACCAG CTGGCGGAAT GCAAGAAACA ACACCAGGAG 420

```

```

GTCATATCAG TTTACAGAAT GCATCTTCTG TATGCTGTGC AGGGCCAGAT GGATGAAGAT 480
GTCCAGAAAG TACTGAAGCA AATCCTTACC ATGTGTAAAA ACCAGTCTCA AAAGAAGTAA 540
AGTGGATTCC TTGGCAGGAC ACTGCCCTT GTCATCTGTC TTTGTGTTAG ATCCAGAGTT 600
GTCGGCAGCC GCTGCCATTG TTCTCATTCG TGGTATGCAC TGTGGCCTAG CGTAGTTCTT 660
CCCTTTCCAA AGGTTTCTGA GGACTTCTCC CAGGAGAAGA CTGCCC GCCT CAGAACTGCT 720
TAGAGACTTC AAACCAGCAG AGGTGAAAGT CCCTGTCATC CCTTCAGATT CCAGAGCTGG 780
GATCAGCCAT GCCCAGAGGT CTGGTCCTGA TGCTGGCAGG GGGGCCCCCT CCTCCATCCC 840
TGACTGGCTG AGTGGCTTTA TCACCACCGA GTGATGTGCT GAGGCCTCCT GCAGTGAATG 900
CTCCTTCCAT TCCTGTACTC GGGCAGTGCC ATTCAGCACA GGAGAGCTCT TTTTGCCTTT 960
GGCTTTCAAT TCCAAAACAT GATTTAATTT CTAACATAAT TAGTATGGCA CTAGTTATGA1020
AGTATCTGCT TAAAACCTT CATCATGATA TCCTGTGGAT TTAAAACTC TAATTCCATG1080
TTTTCTTCCC ATCTGCCTTA TATATCTCAT CACCCTGCTT ATCAATATTC AGTTTGATGA1140
GCACTATTAA CTAAAATATG AAACCTAAAA ACAAAAGCAA GTTGTCTTA AAAGTTCTTT1200
TTTTAAGTAA ATTGTTGACA TACTGCAAT TTTCTATGCA AACTTGCCTC CTGCTGTTAT1260
CTGTGAAGCT CAGGAAATCC AAACATTTGT GTTTCACAA GGGACAGTAA ACTGTGTTAT1320
TACAGCCAAA AGAAATGCCT CATAGTTCTT AACCTCAACT TTTGTAGAAG TATTTTTC1380
TCTGTAATAT TTTTATTGGC TCATAAAGAT GTTTTCATAT CTGAACCTC AAATAAGTGA1440
AAATACAGTA GATTATATTA ACAAATAACT TTTTAGGTAG CCATGCTTGA GACTTTTTAA1500
AAATATAACT TTTTCCTTAA AGTTTTCAGC TATAGCAAAA GGTAGTTATG TATGCCAGAC1560
CTAATATGAG CTGCCACCAA CACCCTAGA ACTTTCAGCC ATGGTGTCTT CAGAATTGTA1620
GCGCATTTCT GAATCTAGCA AATCCTCCTT TTACCCGTTG AATGTTTTGA ATGCCCTGAC1680
TCTACCAGCG CCCATAAATG ATCTCTAGAA GGACTGTAG TACCAATCTG TTTTCAACT1740
TTGAAGCTAA AAACCCTGAT ATGGTAATAT TATGGTGCAT AGCAGAGGTC TCGGAAAAAA1800
AATATTTCTG TTCACCTTAC TTTCAGGTTA AAAATGTTTC TAACACGCTT GCAACTTCCC1860
TTATGGCATT AATCTTGTTG AGGGAGAGAG ACAGAATCCT GGACTCTCCA AAGTATTTAA1920
CTGAAAGTAG GGCCTGCTCT GACAGGGCCC ATGTCCCACA AGGCTGCTTG GCCTCAGTGG1980
GTGCTTGGCT GTGCTGGATG ATATGTTGAT CTGTATTGGA TAAGGACCAA TGACAGCAA2040
GCAAAAATGG CTTTAAAGCT TGGTGTACT TTTCTTAAGT TGTTTAATTA TAGTTAAGCA2100
ATTTCAAAAA TGCTCCAAAG AAATGTGAAA GGACCTTTTG TCACAGCACT TCAGAAAATA2160
CACAACAGCC CCTTCTGCCC CCGCACAGAA ATGCTGCAGA GTATATAAAA CTTGAGACAT2220
TTTTGTAGGA TGCCTGACGA GGTGTAGCCT TTTATCTTGT TTCCGGATGC ATATTTATTA2280
CGAGTACTCT GGTAAATAT TGAAAAGTTA TATGCTGTAG TTTTGTAGTAT TTTGTCTTTG2340
TAATTTACAG AAGTTATTGG AGAAAATAAA CTTGTTTCAT TTTGCAAAAA AAAAAAAAAA2400
ATGAAAA
2407

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1625 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157 :

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT AGGTCATCTA GTTGTATTGT 60
ATCAGAACAA GCAAGGAAAT CCCATAATGT TCTTTCAACT GTTTTACCT ATAAGATTTT 120
GCAACCAAAG ACTTTCGGCT AAGATGGCCA CAGGACATTT AACTTGTAAG GGCTAGTATG 180
AAGGTACTAC AGGTATAATG CACATCATCT AGCCCACCAG GAAGGAAATA TGCTTAATAA 240
CTTGCCCCAG GCTGTCCCAG GACAAGGATC TCTAGAGAAA AGACAACCTA CAGACTAGTT 300
GCTTGCTGTT TTCCAAAACA TTTGTTGGAA GAAATCACAT GACACATGTA TCAGGAACAT 360
TTTCTAATTA TGTATATAAA TGGATATGTG ATATGTGTGC TATTTGTGTG CTAATGTCCT 420
AAGTGAAGTT CTGCAGACCA TCTGGGTCAA AGTGCATTTT GCATGATCAA AAATGAAGAA 480
CCACTGGTTG TCACGGAGAC AGGGAAAAAA AAAAGAATGG GGAAAAATGC ATGACAGAGT 540
CTTTACTTTT AAATGATTAT CGATACACCA AGTAATACAT GTAACAAGTT CTTGAATTCT 600
ATCATCTAGT AATTTTGATT AAGAGAACT AAAAGCAGCC CAAACAATTC CACTAGTATT 660
CACTGTTCTA ACCATTAGCA AGAATGGACT ACTTTAAGGC TGGCTGCTGC TTCACACAGG 720
TTACAAAGAA CTATTTACTA CTTTTTCATA GATAAAGCCC CTGACCTTCA AGAAAGTGTT 780
AGGGAAAAAA ATTATTTAAT CCCTTCCTTT CTTCAAAGAA TTGTTATGTG GTTTTTTTTT 840
TTTTTAACT AGATCTAAGA AAGAAAAAGT CAACACTGAT ATACATGTTG CTTGAGCCAA 900
AAGACATAGG AAAAAAAGAC AACATATAAC CATTAAATTC CTAAGAAATA TGAGGTAAAA 960
AGATGAAATC TTTAGATAAT TTCTAAGTCT GTACAAAAAA GCTAGATTTG CTACTCTCCA1020
AAAAGTGGAA GGACCTATTA TATAATATAT GGAAATAATT TAATGCCATA TCATAAGAAT1080
GTAAGTAGAG CTGTGCTAAG CTTCATATTC GTGAGGGCAT CTAAAATGCC ACTCCACAGC1140
ACAGGTGCTT CTCTCTTCTA TCCATTTATG CGGTAGTTTT CATGGATTTT TGGCCGAATG1200
TCACAGACAA AAGCCAAGAG GTTGTCCAAG ACTTCATCCC TGTTCTGCCG GAAGTATGTC1260
TGGAGGATGG TCATCTTCTC CTGGGTCTCC TTCTCCACTT CAGTGCTGCA ACTGCCACGG1320
GATCCCAATG CCGCAGCTTC CTTGGCCTTG AATTCTTTCT CCCTCTGCAG GCGGTACTGT1380
TCAATTTTCAG CCTGAGCTTC TTCTTTGGCC TGCTTCAGCC TCCGGTTCTT TCTTTTGCGG1440
GCCTCGGACA CCTTCTCGGC TGCCCGCTTC TCGGCCTGCA GCAGCTGCTG AATCCCCTGA1500
GACTGACTAG CCATGGCGGC AGCGATTCTG AGAGCAAGGC AAGCGGCCTA AGGCACCTCG1560
AAGGCCCTT GGGTCAGCTG ACACAGCCGC CCACAATCTG CGCTTGCTCC TTGCGCCTGC1620
CTTCG

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1402 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 158 :

```

TAAAGCTGCG GCGGCGGTTT GCGTTTCTCG TGTCCGCTTG ACTGACAGCT GCGCGGCGGG 60
AGCGGGCGGC GCGAGCGGGA GCGGCGGCG CAGAGCTTGG GGCTTCCTTG GTCGCACCCA 120
CCACCTGCCT GCCCACTGGT CAGCCTTCAG GGACCCTGAG CACCGCCTGG TCTCTTTCTT 180
GTGGCCAGCC CAGAACTGAA GCGCTGCGGC ATGGCGCGCG CCTGCCTCCA GGCCGTCAAG 240
TACCTCATGT TCGCCTTCAA CCTGCTCTTC TGGCTGGGAG GCTGTGGCGT GCTGGGTGTC 300
GGCATCTGGC TGGCCGCCAC ACAGGGGAGC TTCGCCACGC TGTCCTCTTC CTTCCCGTCC 360
CTGTGCGCTG CCAACCTGCT CATCATCACC GGCGCCTTTG TCATGGCCAT CGGCTTCGTG 420
GGCTGCCTGG GTGCCATCAA GGAGAACAAG TGCCTCCTGC TCACTTTCTT CCGGTGCTGC 480
TGGTGTTCCT GCTGGAGGCC ACCATCGCCA TCCTCTTCTT CGCCTACACG GACAAGATTG 540
ACAGGTATGC CCAGCAAGAC CTGAAGAAAG GCTTGACACT GTACGGCACG CAGGGCAACG 600
TGGGCCTCAC CAACGCCTGG AGCATCATCC AGACCGACTT CCGCTGCTGT GCGGTCTCCA 660
ACTACACTGA CTGCTTCGAG GTGTACAACG CCACGCGGGT ACCTGACTCC TGCTGCTTGG 720
AGTTCAGTGA GAGCTGTGGG CTGCACGCCC CCGGCACCTG GTGGAAGGCG CCGTGCTACG 780
AGACGGTGAA GGTGTGGCTT CAGGAGAACC TGCTGGCTGT GGGCATCTTT GGGCTGTGCA 840
CGGCGCTGGT GCAGATCCTG GGCCTGACCT TCGCCATGAC CATGTACTGC CAAGTGGTCA 900
AGGCAGACAC CTACTGCGCG TAGGCCGCC ACCGCCGCT TCTCTGCCAA AAGGACGCCC 960
ACGGGGAGAT GGCCGCACCC ACAGCTGCCT TTCCCACCAC CAGCCTCGGT GCTCTGCCCC 1020
ATGCTGGGAG GAGGGAGGGA GGGACAGGTG CCTGGAGCCC CCGGAACCTT GTTTCTGGAA 1080
GGCCCTGGCT CAGGTGGCTT CAGGGCCTCC GGACCCCCC TGGGAGGGGT GGCCACGTGC 1140
TGGCTGCGGA ACCCAGGGCA GGGGTGGGAG GGGCCTCCAG CACTTTTTAT ATTTACGTAT 1200
TCTCAAAGC AGTGTTCACA CGGGAGCCAG CCTGTGGCCC CCAGCCTCCT GGAAAACAGG 1260
TTGGCGCTGG AGGAGCCGGG TCTTGGCATC CTGGAGGTGG CCCCCTGGT CCTGGTGCTC 1320
CAGGCGGGGC CGTGGACCCC TCACCTACAT TCCATAGTGG GCCCGTGGG CTCCTGGTGC 1380
ATCTTAATAA AGTGTGAGCA GC

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 159 :

```

TAGAATATTC ATGTGAGTTC ATTCCCTCCCT GCTGAGATTG TTCAGCTCCT CCTTCCCTGC 60
TATACCGACT GGACTTGAAC ACTAAGTCTT CAATAGCTGA GATTCTCCAT CTTAATCTAC 120
TTGGAGGCAA GAGCAGATTG GTTGTTCAT TATGGATGGA GGGGATGATG GTAACCTTAT 180
TATCAAAAAG AGGTTTGTGT CTGAGGCAGA ACTAGATGAA CGGCGCAAAA GGAGGCAAGA 240
AGAATGGGAG AAAGTTCGAA AACCTGAAGA TCCAGAAGAA TGTCCAGAGG AGGTTTATGA 300
CCCTCGATCT CTATATGAAA GGCTACAGGA ACAGAAGGAC AGGAAGCAGC AGGAGTACGA 360
GGAACAGTTC AAATTCAAAA ACATGGTAAG AGGCTTAGAT GAAGATGAGA CCAACTTCCT 420
TGATGAGGTT TCTCGACAGC AGGAACATAAT AGAAAAGCAA CGAAGAGAAG AAGAAGTGA 480
AGAAGTGAAG GAATACAGAA ATAACCTCAA GAAGGTTGGA ATTTCTCAAG AGAACAAGAA 540
GGAAGTGGAA AAGAACTGA CTGTGAAGCC TATAGAAACC AAGAACAAGT TCTCCAGGC 600
GAAGTGTGG CAGGAGCTGT GAAGCATAAG AGCTCAGAGA GTGGCAACAG TGTGAAAAGA 660
CTGAAACCGG ACCCTGAGCC AGATGACAAG AATCAAGAGC CCTCATCCTG CAAGTCTCTC 720
GGAAACACCT CCCTGAGTGG CCCCTCCATC CACTGCCCCT CTGCTGCAGT ATGTATCGGC 780
ATCCTCCAG GCCTGGGTGC CTACTCTGGG AGCAGCGACT CCGAGTCCAG CTCAGACAGC 840
GAAGGCACCA TCAATGCCAC CGGAAAGATT GTCTCCTCCA TCTTCCGAAC CAACACCTTC 900
CTCGAGGCCC CCTAGTTTCT CCGTCCCTAC ACAGGGAGCT CCTCCCCAAG GGTAGATCGG 960
ACCGTTCATG CTGCCTATAG GCATTATGTC CCTCAAAAAA AAACCTCCTTT GCCTGCATCC1020
TGTGTACAAC ATGACATTTT TAACCAATCC AATCTAAAAA TGTGCCAGAA TCCACCTGTG1080
GCCCCAATCG TGTGTGGTTC CTCTTTCTAC TCCACTGCAG ATGACCAAAC CTGTCCCGCT1140
GCCACTTTC TCACTGATAT TGGGAGGAGG GCAAGGCCCA GCCGAAGTTC CACTAAAAAT1200
GCCCCAGGAG AATAGGCACC GGCTGGCTTG CCAAAGGGTT TGGGTTTTAT TGCTTTCTGT1260
TTTTTCTTTT CCCGACAGCA CAAAGAAGTA AGGGCAGTTA TTGGACAGGT GTTATTTAAA1320
CATTCTATTG TAAATGAATG TGTGTGTTGG TTCTACTGCA TTGTGGAGCA TGCGGGGGAA1380
GAGAACTGAC CCAGGTAATG AAATGGAGCC CTTCCCTGGA ACTAACCAGT CTTGATGTT1440
GTGTGACTAA GTAAAGATGA TAAACCCCAT CTGCTGGGGG TGTCACCTCA CACTCGGCAT1500
GCATTGTGAA AGCTTTCCAT ACCCTTGGCC ATTCCCTCTC TCCTCTCTCT CCAACCCCAT1560
TTATGCAGGA AGGGACTGCT AACAAGAACG CTTCCATCTC AAACCTTTTC TCTGCCTGGG1620
AAATTATTTT ATGTTTGTTT TTGAAATAAA GGATTTAGTT TAAGATTCTA AATTTTAGAG1680
AAACAAACGT AGGCCTTGTT TACTAATAGC CAGACATCAG AACTGCAGGT AGGTATGTTA1740
ATGAGATGAC TTATTTCTGG CAGCTCCTGG AATCCTAATA TTGTAAATGA GTGGGACACA1800
CTTGATATTT GTGACCATTC TATTGAGGCC CTCTCTGTT TAATGCATAT TACTTTGTG1860
CTTTTAACTG TGGAACTTAT TTCTAACCTA AAGGTGCTGC CCTAGTACTT TTCTTTTGCT1920
GCCTCTGCTG CTCTTTTTC TTTTCCAAAC AGCAAACCTC GAGGCCATGA GCAGCCAAAA1980
ACTAGAGGTA CTGCTCCACC TCGTCTCATA AAGGGAAACG GGCTCATCCC TTGGATTCTG2040
GAGGAGGGAG AGGGAGATGG TGTGGAGGCT CGAGGACAGA GAGAGACATG AGTTTGACAA2100
CAATCTGTAG GCCGCCTGGC TTAGAATAAG CAGTACCTTC TTATCATTC GCTATTCCC 2159

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2795 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 160 :

```
TCACCCGCCT TAGAAATTC AAAGAAAGAT GGAAGGAAA GTCCTGAGGA ATATAGACAG 60
ACATTTTTTAA CCGCAGACGT TTAAAGGTCT CCAAAGAAAT CTCGGAGTCC ACGGGAGTCC 120
CCCAAGAAGG CCAAGAAGTT AGAAGTCATC ATCGGGAAGC CCCAGGGGTC TTCTAGTTTT 180
GACAGAGAAT TAGAAAGAGA GAAAGAACCC CAGCGACTAG AGCGTGAAGC CAAAGAAAGG 240
GAGAAAGAAC GCGGAAGATC CCGAAGTATT GACCGGGGGT TAGAACGCAG GCGCAGCAGA 300
AGTAGGGAAA GGCATAGAAG TCGCAGTCGA AGTCGTGATA GGAAAGGGGA TAGAAGGGAC 360
AGGGATCGAG AAAGAGAGAA AGAAAATGAG AGAGGTAGAA GACGAGATCG TGAATATGAT 420
AAGGAAAGAG GAAATGAACG AGAAAAGAAA GGTCCAAGGA ACAGAGAAGT AGGGGAGAGG 480
TAGAAGAGAA GAAACATAAA GAAGACAAAG ATGATAGGCG GCACAGAGAT GACAAAAGAG 540
ATCCAAGAA AGAGAAAAAA CACAGTAGAA GCAGAAGCAG AGAAAGGAAA CACAGAAGTA 600
GGAGTCGAAG TAGAAATGCA GGGAAACGAA GTAGAAGTAG AAGCAAAGAG AAATCAAGTA 660
AACATAAAAA TGAAAGTAAA GAAAAATCAA ATAAACGAAG TCGAAGTGGC AGTCAAGGAA 720
GAACTGACAG TGTTGAAAAA TCAAAAAAAC GGAACATAG TCCCAGCAA GAAAAATCTA 780
GAAAGCGTAG TAGAAGCAAA GAACGTTCCC ACAAACGAGA TCACAGTGAT AGTAAGGACC 840
AGTCAGACAA ACATGATCGT CGAAGGAGCC AAAGTATAGA ACAAGAGAGC CAAGAAAAAC 900
AGCATAAAAA CAAAGATGAG ACTGTGTGAA AATATTTTGT AAAAGTGGAT CACATTGAAT 960
CCTATAAATG ATTAAATCTG CTTTTTTCCC CCACGTTGAG ATTGTGCAGT AGTTCGCACT1020
CCTCAAGCTC TCCCTGTAGG CTGCATTTTC ATTTCCCTCT TCGTGTAGGG AAGTGCCTTT1080
GTAATTCCAT TTATTGCATT GGTGTTTTCA CCCAATTGTT AAGTTTGATA CATGATGCAT1140
AGATTGTTCT TGCATTTTTA TTGTTTGT TTGAAATGTA CAGTCTGTAC ATATGTCCTG1200
AAAATGTTTT AATTCCTTG GCATGGTTGG CATGTTGGTT AAATTTGTAT AAGGCAATAA1260
ACTGCCACTA ATCTATTTTT GTTTTGTAGG TGTGGGATTA TGGTTTGTGT ACTGAAGTTA1320
GCATGGCTGT GCTTTTCGTA ATAGAATGCT AAAGACTTTG AGAATGGATC TTGGATGTCT1380
ATTATAGGAG AAGTATGTGC TGCCAATGTA CAAGAAGGCA GCATTGTAGG ATTAACATTC1440
TTGTCTACTG TATATTATCT TGAAGGCTC TTGTTAATAT GTTACACTTA ATATTCTCCA1500
CAGTTACCTT TAGAGAGAAT TTATGAGAAG TTAGTTTCTG ATGCAGAGGT TTTTAGGCTG1560
TGATTTTCATC AAAAGTCCTT TTAGCATTCT ACCTCAAAGG GACACTTAGT ATGCCTAAAA1620
TTTATTCACT TAGTTTTCTT TTTTATTTG AAAAAATACA TGACATGTAA TCTTTTTTTC1680
TTGAATTCTT TCTCAGATTT TAAAGTACTA TATTAAAGAA AAAAATTAAT GTCTAAAGCC1740
TAGCATTCTT GCAGAACCCT ATACTAACAT GTAATGGGGA GAGGGTGGGG CAGATGAGTA1800
GAGAAACAGA TTCAAGCCTC AAGCTTCCAA AGCATTTTTT TAAATGGAAA ATCCTTAAAT1860
TATGAAACAG CTTGATATAG TGTCCTTTTT TTAATAATTCA GAACTTTTTT TATTGATAAT1920
GGAGATTGCT GTTTGAGTTT TTAAACTTAA TCTAGAACAG AGGAGTATTA AAAGTAATGC1980
TGTGCTGCAT TATTTAAGAC TATCAGCAA TTATTTGATA GATTGTTCTT ACAACTTGTA2040
TTCTGATTAC AGAACCATCA TGAGTGTGGA ATAAATACTG GATTAAATCC TTTATCCTGG2100
GTCTTGGCTT TTCCCCCATT TGTTAAATTT TTTTAGCATA TTTATATTGT GGAAATTGAT2160
GAAACGTCAG TAGAGTCACA CTTTGTGTAC AGGGATGTCT TAGTGCCAG ATGACAAGTG2220
AATTTTGGAG AAATGCATAG ACTGGGATTG GGCATGTGGT AATCAATAAT CTTTATTAGA2280
ATACTTGATA ATGGCAGTTC CTTTGTGTCAG TGGTTGTGTT ATGTGTCATT TGATTACTTT2340
GTTCCATGTC AAAGACGTTT ATTGGGATAC CTTTACTTG GACAATATGT TAGCATTTTT2400
TAAATTTGG ACTTGAAATT CTTTAAGATA ATTCACCCAA TTCTTTTAG AAAAGAAAAT2460
AGAGGCCCAA AGTAATGATG TCAGTGCTAG GGCTAAACT CAGTATCTG ACAGTGTAGT2520
GAACCTGGCA CGCACATTGA GGTGTTGTTT ATCTCACTGG TTATACTGGC CAACTAATGC2580
GCACTCAGAA GCCACCTTGC AAAAATGTTA AATGGAGCAA ACGAGTACAC TTGCAAGAGT2640
```

CCTCCATATG TGGGCTTAAC ATATGTACCA CTCCATTTTA GAAAAATCTC ATTAAATGAA2700  
 TTCTTCTAAA AATGATATGC TTTTCTCTTT TTTAAGAAAA TTCCTTTGTC TTTTAAATTG2760  
 AGCATCAAGT GAATTAGTGC TATAGACACC CAGAA 2795

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161 :

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1711 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 161 :

TCGGCGAGCA	ACGCTGGAGC	ATCCCGCTCT	GGTGCCGCTG	CAGCCGGCAG	AGATGGTTGA	60
GCTCATGTTT	CCGCTGTTGC	TCCTCCTTCT	GCCCTTCCTT	CTGTATATGG	CTGCGCCCCA	120
AATCAGGAAA	ATGCTGTCCA	GTGGGGTGTG	TACATCAACT	GTTTCAGCTT	CTGGGAAAGT	180
AGTTGTGGTC	ACAGGAGCTA	ATACAGGTAT	CGGGAAGGAG	ACAGCCAAAG	AGCTGGCTCA	240
GAGAGGAGCT	CGAGTATATT	TAGCTTGCCG	GGATGTGGAA	AAGGGGGAAT	TGGTGGCCAA	300
AGAGATCCAG	ACCACGACAG	GGAACCAGCA	GGTGTGTTGG	CGGAAACTGG	ACCTGTCTGA	360
TACTAAGTCT	ATTCGAGCTT	TGCTAAGGG	CTTCTTAGCT	GAGGAAAAGC	ACCTCCACGT	420
TTTGATCAAC	AATGCAGGAG	TGATGATGTG	TCCGTACTCG	AAGACAGCAG	ATGGCTTTGA	480
GATGCACATA	GGAGTCAACC	ACTTGGGTCA	CTTCCTCCTA	ACCCATCTGC	TGCTAGAGAA	540
ACTAAAGGAA	TCAGCCCCAT	CAAGGATAGT	AAATGTGTCT	TCCCTCGCAC	ATCACCTGGG	600
AAGGATCCAC	TTCCATAACC	TGCAGGGCGA	GAAATTCTAC	AATGCAGGCC	TGGCCTACTG	660
TCACAGCAAG	CTAGCCAACA	TCCTCTTCAC	CCAGGAACTG	GCCCCGAGAC	TAAAAGGCTC	720
TGGCGTTACG	ACGTATTCTG	TACACCCTGG	CACAGTCCAA	TCTGAACTGG	TTCGGCACTC	780
ATCTTTCATG	AGATGGATGT	GGTGGCTTTT	CTCCTTTTTT	ATCAAGACTC	CTCAGCAGGG	840
AGCCCAGACC	AGCCTGCACT	GTGCCTTAAC	AGAAGGTCTT	GAGATTCTAA	GTGGGAATCA	900
TTTCAGTGAC	TGTCATGTGG	CATGGGTCTC	TGCCCAAGCT	CGTAATGAGA	CTATAGCAAG	960
GCGGCTGTGG	GACGTCAGTT	GTGACCTGCT	GGGCCTCCCA	ATAGACTAAC	AGGCAGTGCC	1020
AGTTGGACCC	AAGAGAAGAC	TGCAGCAGAC	TACACAGTAC	TTCTTGTCAC	AATGATTCTC	1080
CTTCAAGGTT	TTCAAAACCT	TTAGCACAAA	GAGAGCAAAA	CCTTCCAGCC	TTGCCTGCTT	1140
GGTGTCCAGT	TAAAACTCAG	TGTACTGCCA	GATTTCGTCTA	AATGTCTGTC	ATGTCCAGAT	1200
TTACTTTGCT	TCTGTTACTG	CCAGAGTTAC	TAGAGATATC	ATAATAGGAT	AAGAAGACCC	1260
TCATATGACC	TGCACAGCTC	ATTTTCCTTC	TGAAAGAAAC	TACTACCTAG	GAGAATCTAA	1320
GCTATAGCAG	GGATGATTTA	TGCAAATTTG	AACTAGCTTC	TTTGTTTACA	ATTCAGTTCC	1380
TCCCAACCAA	CCAGTCTTCA	CTTCAAGAGG	GCCACACTGC	AACCTCAGCT	TAACATGAAT	1440



```

AACAAAGACT GGCTCAGGAG CAGGGCTTGC CCAGGCATGG TGGATCACCG GAGGTCAGTA1500
GTTCAAGACC AGCCTGGCCA ACATGGTGAA ACCCCACCTC TACTAAAAAT TGTGTATATC1560
TTTGTGTGTC TTCCTGTTTA TGTGTGCCAA GGGAGTATTT TTCACAAAGT TTCAAAACAG1620
GCCACAATTA ATTCAGGAGT TGGGAGGGAA AACCAGTGGC CATTCCAGTC TTTTGGCAA1680
TGGAAATGGG TGGGCGAAGG GGGTGTCTGGT T

```

1711

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 271 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 162

```

RXGCPRXMPX AKSXXVXXTL GXLXPXPGXG LPNXXSEXRX CRAXWRXLDP RXLQMLXSPC 60
SPAXXGPAPP AGRFXRGXA AXHAXPXXPR SLRASASRAQ SPACXLVVVC ASXILASXVL 120
XXSSRNASSS LSVRLADCAX VPQVNHPGLL ELSLSAVALV ADPAQAVQAX GWXLRSFSXX 180
XSVVXCCAGR XPLXVAXGXE GLXXRSRGIS SVLLXGLXAG RCTRELSLCD AGTPARACPX 240
SSPENFPEXL RLVPTAFFAW GHPXPVXPGC H 271

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 163

```

LTCGTXAQSA NLTDKELEAF REEXXSTFEA KIXEAXTTTR XXAGDCAREA EARRERGXXG 60
XACXAAXPRX KXRPAGGAGP KXAGLHGEXS ICRXLSGRXL XXARXQRXSE XXLGXPPXPGX 120
GXRXPVXXT XXLLAXGIXR GQXPXQGGWG WHXVSRQEGX VSGDXQPLPS RHXGLVVVAI 180

```

WV

182

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 164

```
PVGPXRSPT  SRTSRWRRSG  RSXXAXSKPK  SXKHXPPEX  XLEIAHEKLR  HAESVGRXAX  60
RVEPXSRXXS  XALLEGXDXR  XLGYTVXEAS  AGXCPAGXSX  ELGXNEXLXG  XWGXPSPAXE  120
XGXXAXXGPX  GSWPVAFXVD  SPAVRVAGAG  TGCGRKDXF  LVTCSRCDRD  TXAWWW      176
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 165

```
IPEDPHIDES  KAKHQAIIMS  TSLRVSPSIH  GYHFDTASRK  KAVGNIFENT  DQESLERLFR  60
NSGDKKAER  AKIIFAIDQD  VEEKTRALMA  LKKRTKDKLF  QFLKLRKYSI  KVH          113
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 166

```
QMQHFAATLQ ASLLSGLQRL ERDRDWKGTR TEQTGYKDSK QFHALCCYRG EQNAFSKDLK 60
TLPSLQERID ADRRAWTDVM RTKENRWLEM TFIQGHFVRP 100
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 167

```
GSSKMLHLLS SHKLTWSLNV HSWITSLSIL FSSVNFDGIF PQFQKLEKLV FCPLLQGHQG 60
TRFLHILIY GKNDLGSLLC FLVSRVSEEP F 91
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 168

```

SLALDQMAY KALDTSSLVG EQVTSYLTKK FAELRSPNEF KVYMGHGGKP WVSDFSHPHY 60
LAGRRAMKTV FGVEPDLTRE GGSIPVLTLE QEATGKNVML LPVGSADDGA HSQNEKLNRY 120
NYIEGTKMLA AYLIEVSQLK D 141

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 172

```

SVLFCPLHHP HPPPSGVCAA AAVAAAAAAA ARPVVTPTRG SLFPLLDLLS FFVEEASMGA 60
QFSKTAAKGE AAAERPGEAA VASSPSKANG QENGHVKVNG DASPAAAESG AKEELQANGS 120
APAADKEEPA AAGSGAASPS SAEKGEPAAA AAPEAGASPV EKEAPAEGEA AEPGSATAAE 180
GEAASAASST SSPKAEDGAT PSPSNETPKK KKKRFSFKKS FKLSGFSFKK NKKEAGEGGE 240
AEAPAAEGGK DEAAGGAAAA AAEAGAASGE QAAAPGEEAA AGEEGAAGGD PQEAKPQEEA 300
VAPEKPPASD ETKAAEPPSK VEEKKAEAG ASAAACEAPS AAGPGAPPEQ EAAPAEEPAA 360
AAASSACAP SQEAQPECSP EAPPAEAAE 389

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 174

```

GAATESQTRP SCPGAARIPL ATIPTQIASC PWMSRAALTP PHTRQTARTM GWELRKNGTR 60
PGAPSTAPPK GTLWPTTFRP AGPTQSLAES DSEDPSGKPR LKVETKVSVE LHREEQGS HR 120
GEYPPEPGER GRTGLASSQP PEQRKGILKN KVTYPPPLTL TEQTLKGRLR EKLADCEQSP 180
TSSRTSSLGS GGPDCAITVK SPGREPGRDH LNGVAMNVRT GSAQADGSDS EGSNETSI 238

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 225 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 175

```

SFITAFRVGA IGLGAPSAHI HGHPVEVVTP RLPPRALDCD GAVGAARAQG RRARGCGALL 60
TVGQLLPEPA LQRLLRQRQR RRVGDFIFQD AFPLLWGLAA SKPCAPPLSW FRGVLSTVTA 120
LLLA VQLHAD LGLHLQAGLA AGVLTVTLSQ ALGRASRPER GWPQRPLWGC CGRRPWPGPI 180
FPQLPPHRPR CLTSVRRRKS CSAHPGTARY LSRNRGQGD CSSWA 225

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 344 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 177

```

TSGSLPPSAR PESTTSSPPS APALPSVSPG SSPPRGDQEP PALRCGREAL AGAEKLGGV 60
PGPEGRGAGA QGREHPAPLP RLLLPSPPLP VPCKQQPELP SVRAAEMSSS SPPAGAASAA 120
ISASEKVDGF TRKSVRKAQR QKRSQGSSQF RSQGSQAELH PLPQLKDATS NEQQELFCQK 180
LQCCILFDF MDSVSDLKSK EIKRATLNEL VEYVSTNRGV IVESAYS DIV KMISANIFRT 240

```

LPSPDNPDFFD PEEDEPTLEA SWPHIQLVYE FFLRFLESPD FQPSIAKRYI DQKFVQQLLE 300  
LFDSEDPRE R DFLKTVLHRI YGKFLGLRAF IRKQINNIFL RFXI 344

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 178

QKSSCCSFEV ASLSWGSGCS SAWLPWLRNC DEPWERFCLC ALRTDFRVKP STFSEAEMAA 60  
LAAPAGGDDD DISAALTGGS SGCCLQGTGS GGDGRRRRGR GAGCSRPCAP APRPSGPGTP 120  
PSFSSAPANA SRPHLSAGGS WSPGRGELPG LTEGRAGAEG GEEVVD SGRA DGGREPEV 178

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 179

DVAVRRWRAP RRSSAASRGR RAVGPGRGA STPRLSPASS CRLRRCPCLA SSSRSCQASG 60  
PRRCRRRRRR RGLPAPPSRP RRKWTASPGN RSARRRGRSA PRARRSFAAR AARQSCTRCP 120  
SSKMPLQMNN KSFSVRSCSS VVYCLISWTL FQT 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 564 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 180

```
GVIILDDIHE RSIATDVLLG LLKDVLLARP ELKLIINSSP HLISKLNSSY GNVVPVIEVKN 60
KHPVEVVYLS EAQKDSFESI LRLIFEIHHS GEKGDIVVFL ACEQDIEKVC ETVYQGSNLN 120
PDLGELVVVP LYPKEKCSLF KPLDETEKRC QVYQRRVLT TSSGEFLIWS NSVRFVIDVG 180
VERRKVYNPR IRANSLVMQP ISQSQAIRK QILGSSSSGK FFCLYTEEFA SKDMTPLKPA 240
EMQEANLTSM VLFMKRIDIA GLGHCDFMNR PAPESLMQAL EDLDYLAALD NDGNLSEFGI 300
IMSEFPLDPQ LSKSILASCE FDCVDEVLT I AAMVTAPNCF SHVPHGAEEA ALTCWKTFLH 360
PEGDHFTLIS IYKAYQDTTL NSSSEYCV EK WCRDYFLNCS ALRMADVIRA ELLEIIKRIE 420
LPYAEPAFGS KENTLNIKKA LLSGYFMQIA RDVDGSGNYL MLTHKQVAQL HPLSGYSITK 480
KMPEWVLFHK FSISENNYIR ITSEISPELF MQLVPQYYFS NLPPSESKDI LQQVVDHLSP 540
VSTMNKEQQM CETCPETEQR CTLQ 564
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 183

```
KLNHVLELKA KGKKSSPVLN GTARVQEWKE HSLQEASAHH SVVIKPLSQS GMEEGAPLPA 60
SGPDLWAWLI PALESEGMTG TFTSAGLKS L SSSEAGSLLL GEVLRNLWKG KNYARPQCIP 120
RMRTMAAAD NSGSNTKTDD KGQCPAKEST LLLLRLVFTH GKDLLQYFLD IFIHLALHSI 180
QKMHSVN 187
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

~~(iii) HYPOTHETISCH: ja~~

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 184

```
KEKENIQTL  KSKEQEVNEL  LQKFQQAQEE  LAEMKRYSES  SSKLEEDKDK  KINEMSKEVT  60
KLKEALNSLS  QLSYSTSSSK  RQSQQLEALQ  QQVKQLQNQL  AECKKQHQEV  ISVYRMHLLY  120
AVQGQMDDEV  QKVLKQILTM  CKNQSQKK                                148
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 185

```
MISRRTVSTN  LFFNFEAKNP  DMVILWCIAE  VSEKKYFCSL  YFQVKNVSNT  LATSLMALIL  60
LRERDRILDS  PKYLTERAC  SDRHVPOGC  LASVGAWLCW  MIC                                103
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 187

```
AAALALRIAA AMASQSQGIQ QLLQAEKRAA EKVSEARKRK NRRLKQAKEE AQAEIEQYRL 60
QREKEFKAKE AAALGSRGSC STEVEKETQE KMTILQTYFR QNRDEVLDNL LAFVCDIRPE 120
IHENYRING 129
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 190

```
LTAARRERAA RAGGGGAELG ASLVAPTTCL PTGQPSGTLT TAWSLSCGQP RTEALRHGAR 60
LPPGRQVPHV RLQPALLAGR LWRAGCRHLA GRHTGELRHA VLFLPVPVGC QPAHHHRRLC 120
HGHRLRGLPG CHQGEQVPPA HFLPVLLVFL LEATIAILFF AYTDKIDRYA QQDLKKGLHL 180
YGTQGNVGLT NAWSIQTDF RCCGVSNYTD WFEVYNATRV PDSCCLEFSE SCGLHAPGTW 240
WKAPCYETVK VWLQENLLAV GIFGLCTALV QILGLTFAMT MYCQVVKADT YCA 293
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

(A) LÄNGE: 168 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 192

STWRQEQIGC FIMDGGDDGN LIIKKRFVSE AELDERRKRP QEEWEKVRKP EDPEECPEEV 60  
YDPRSLYERL QEQRDRKQCE YEEQFKFKNM VRGLDEDET N FLDEVSRQCE LIEKQRRREE 120  
LHELKEYRNN LKKVGISQEN HEEVEKKLTV KPIETKNKFS QAKCWQEL 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 193

PQEGWNFSRE QEGSGKETDC EAYRNQEQVL PGEVLAGAVK HKSSSESGNSV KRLKPDPEPD 60  
DKNQEPSSCK SLGNTSLSGP SIHCPSAAVC IGILPGLGAY SGSSDSESSS DSEGTINATG 120  
KIVSSIIFRTN TFLEAP 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 194

WCLRCLSWTR SRCSQSRHFG LGGCRYILQQ RGSQWRGHSG RCFRETCRMR ALDSCHLAQG 60  
PVSVFSHCCH SLSSYASQLL PTLRLGELVL GFYRLHSQFL FHFLLVLLRN SNLLEVISVF 120  
LQFFQFFFSS LLFY 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- (A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 195

```
LPLRLRLFDL SLLSFLCLLD FSLLLLLLRF PAFLLRLLLL CFLSLLLLLL CFFSFLESLL 60
SSLCRLSSLS CLCFFSSTSP LLLCSLDLSF LVHFLFPYHS HDLVFYLSHF LSLFLDPCPF 120
YPLSYHDFDC DFYAFPYFCC ACVLTPGQYF GIFAFLSPFL WLHALVAGVL SLFLILCQN 179
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 196

```
IFLCWDYVPV FLIFQHCQFF LDCHFDFVYL IFLYFHFYVY LISLCFYFYF VSLHIFYFDSY 60
FCVSFLCFCF YCVFSLSWNL FCHLCAAYHL CLLYVSSLLP LPYFSVPWTF LFSFISSFLI 120
IVTISSSTSL IFFLSFSIPV PSIPFPITTS TATSMFPPTS AAPAF 165
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 163 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 197

```

TRKERSKEQR SRGEVEEKKH KEDKDDRRHR DDKRDSKKEK KHSRERSRER KHSRERSRNR 60
AGKRSRERSK EKSSKHKNES KEKSNKRSRS GSQGRDTSVE KSKKREHSPS KEKSRKRSRS 120
KERSHKRDHS DSKDQSDKHD RRRSQSIEQE SQEKQHKNKD ETV 163

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 335 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 198

```

RRATLEHPAL VPLQPAEMVE LMFPLLLLLL PFLLYMAAPQ IRKMLSSGVC TSTVQLPGKV 60
VVVTGANTGI GKETAKELAQ RGARVYLACR DVEKGELVAK EIQT TTTGNQQ VLVRKLDLSD 120
TKSIRAFAGK FLAEKHLHV LINNAGVMCM PYSKTADGFE MHIGVNHGK FLLTHLLLEK 180
LKESAPSRIV NVSSLAHHLG RIHFHNLQGE KFYNAGLAYC HSKLANILFT QELARRLKGS 240
GVTTYSVHPG TVQSELVRHS SFMRWMWWLF SFFIKTPQQG AQTSLHCALT EGLEILSGNH 300
FSDCHVAWVS AQARNETIAR RLWDVSCDLL GLPID 335

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 201 :

```

gtggcagaaa  acctcatgac  acaatctctc  cgcctccctg  tgttggtgga  ggatgtctgc  60
agcagcattt  aaattctggg  agggcttggt  tgtcagcagc  agcaggagga  ggcagagcac  120
agcatcgtcg  ggaccagact  cgtctcaggc  cagttgcagc  cttctcagcc  aaacgccgac  180
caaggaaaac  tcactaccat  gagaattgca  gtgatttgct  tttgcctcct  aggcatacacc  240
tgtgccatac  cagttaaaca  ggctgattct  ggaagttctg  aggaaaagca  gctttacaac  300
aaataccccag  atgctgtggc  cacatggcta  aaccctgacc  catctcagaa  gcagaatctc  360
ctagccccac  agaattgctgt  gtccctctgaa  gaaaccaatg  actttaaaaca  agagaccctt  420
ccaagtaagt  ccaacgaaaag  ccatgaccac  atggatgata  tggatgatga  agatgatgac  480
gaccatgtgg  acagccagga  ctccattgac  tcgaacgact  ctgatgatgt  agatgacact  540
gatgattctc  accagtctga  tgagtctcac  cattctgatg  aatctgatga  actggctact  600
gattttccca  cggacctgcc  agcaaccgaa  gttttcactc  cagttgtccc  cacagtagac  660
acatatgatg  gccgaggtga  tagtgtggtt  tatggactga  ggtcaaaatc  taagaagttt  720
cgcagacctg  acatccagta  ccctgatgct  acagacgagg  acatcacctc  acacatggaa  780
agcgaggagt  tgaatggtgc  atacaaggcc  atccccgttg  cccaggacct  gaacgcgcct  840
tctgattggg  acagccgtgg  gaaggacagt  tatgaaacga  gtcagctgga  tgaccagagt  900
gctgaaaacc  acagccacaa  gcagtccaga  ttatataagc  ggaaagccaa  tgatgagagc  960
aatgagcatt  ccgatgtgat  tgatagtcag  gaactttcca  aagtcagccg  tgaattccac  1020
agccatgaat  ttcacagcca  tgaagatatg  ctggttgtag  accccaaaag  taaggaaaga  1080
gataaacacc  tgaaatttcg  tatttctcat  gaattagata  gtgcattctc  tgagggtcaat  1140
taaaaggaga  aaaaatacaa  tttctcactt  tgcatttagt  caaaagaaaa  aatgctttat  1200
agcaaaatga  aagagaacat  gaaatgcttc  tttctcagtt  tattggttga  atgtgtatct  1260
atgtgagttc  ggaaataact  aatgtgtttg  ataattagtt  tagtttggtg  ctccatggaa  1320
actccctgta  aactaaaagc  ttcagggtta  tgtctatggt  cattctatag  aagaaatgca  1380
aactatcact  gtattttaat  atttgttatt  ctctcatgaa  tagaaattta  tgtagaagca  1440
aacaaaatac  ttttaccac  ttaaaaagag  aatataacat  tttatgtcac  tataatcttt  1500
tgttttttaa  gttagtgtat  attttggtgt  gattatcttt  ttgtggtgtg  aataaatctt  1560
ttatcttgaa  tgtaataaga  atttggtggt  gtcaattgct  tatttgtttt  cccacggttg  1620
tccagcaatt  aataaaacat  aacctttttt  actgcctaaa  aaaaaaaga  gaaaagaaaa  1680
aaaagaaaag  aaaaaaagg  gagggagggg  ag

```

1712

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1610 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 202 :

```
caggaggaat tctatgcctg acgcgggagc catgcgcccc ctccgcacctg ccaactcacta 60
gcatcttggg ggggtggccg ctgagtgcca ggggacagga gtccactttg ttctcgtgggg 120
aggtctaatc tagatatcga cttgtttttg cacatgtttc ctctagttct ttgttccatg 180
cccagtagac cttgttactt ctgaggttaag ttaagtaagt tgattcggta tccccccatc 240
ttgcttccct aatctatggt cgggagacag catcagggtt aagaagactt tttttttttt 300
tttaaaactag gagaacccaa tctggaagcc aaaatgtagg cttagtttgt gtgttgcttc 360
ttgagtttgt cgtcatgtg tgcaacaggg tatggactat ctgtctgggtg gccccgtttc 420
tggtggtctg ttggcaggct ggccagtcca ggctgcctgt gggcgcgcgc ctctttcaag 480
cagtcgtgcc tgtgtccatg cgtcagggc catgctgagg cctgggcgcg tgccacgttg 540
gagaagcccg tgtgagaagt gaatgctggg actcagcctt cagacagaga ggactgtagg 600
gagggcgcca ggggcctgga gatcctcctg cagaccacgc ccgtcctgcc tgtggcgccg 660
tctccagggg ctgcttcctc ctggaaattg acgaggggtg tcttgggcag agctggctct 720
gagcgcctcc atccaaaggcc aggttctccg ttagctcctg tggtcccccacc ctgggacctg 780
ggctggaatc aggaatattt tccaaagagt gatagtcttt tgcttttggc aaaactctac 840
ttaatccaat gggtttttcc ctgtacagta gattttccaa atgtaataaa ctttaataata 900
aagtagtcct gtgaatgcc a ctgccttcgc ttcttgccctc tgtgctgtgt gtgacgtgac 960
cggacttttc tgcaaacacc aacatgtttg gaaacttggt tcgaatctct gtgccttcgt 1020
ctttcccatg gggagggtt ctggttccag ggtccctctg tgtatttgc tttttgtttt 1080
ggctgaaatt ctctggagg tcggtagggt cagccaaggt tttataaggc tgatgtcaat 1140
ttctgtgttg ccaagctcca agccccatct tctaaatggc aaaggaaggt ggatggcccc 1200
agcacagctt gacctgaggc tgtggtcaca gcggaggtgt ggagccgagg cctaccccg 1260
agacaccttg gacatcctc tcccaccgg ctgcagaggc cagaggcccc cagcccagg 1320
ctctgcact tacttgctta ttgacaacg tttcagcgac tccgttggcc actccgagag 1380
gtgggccagt ctgtggatca gagatgcacc accaagccaa gggaacctgt gtccgggtatt 1440
cgatactgcg actttctgcc tggagtgtat gactgcacat gactcggggg tggggaaagg 1500
ggtcggctga ccatgctcat ctgctggtcc gtgggacggt gcccaacca gaggctgggt 1560
tcatttgtgt aacgacaata aacggtactt gtcatttcgg gcaaaaaaaa 1610
```

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 3, 7, 9, 15, 17, 18, 21, 25, 27, 33, 35, 36, 38, 39, 40, 42, 43, 44, 46, 47, 48, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 61, 62, 63, 65, 66, 67, 150-153, 156-158, 160-161 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- ~~9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.~~
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.



19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198.
23. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
25. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs.
26. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.
27. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202 in sense oder antisense Form.
28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses.
29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 71-148, 162-198, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.
30. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 71-148, 162-198.

31. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
32. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch ~~gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.~~
33. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 2-67, 149-161, 201-202.
34. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
35. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 450 bis 3500 bp aufweist.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

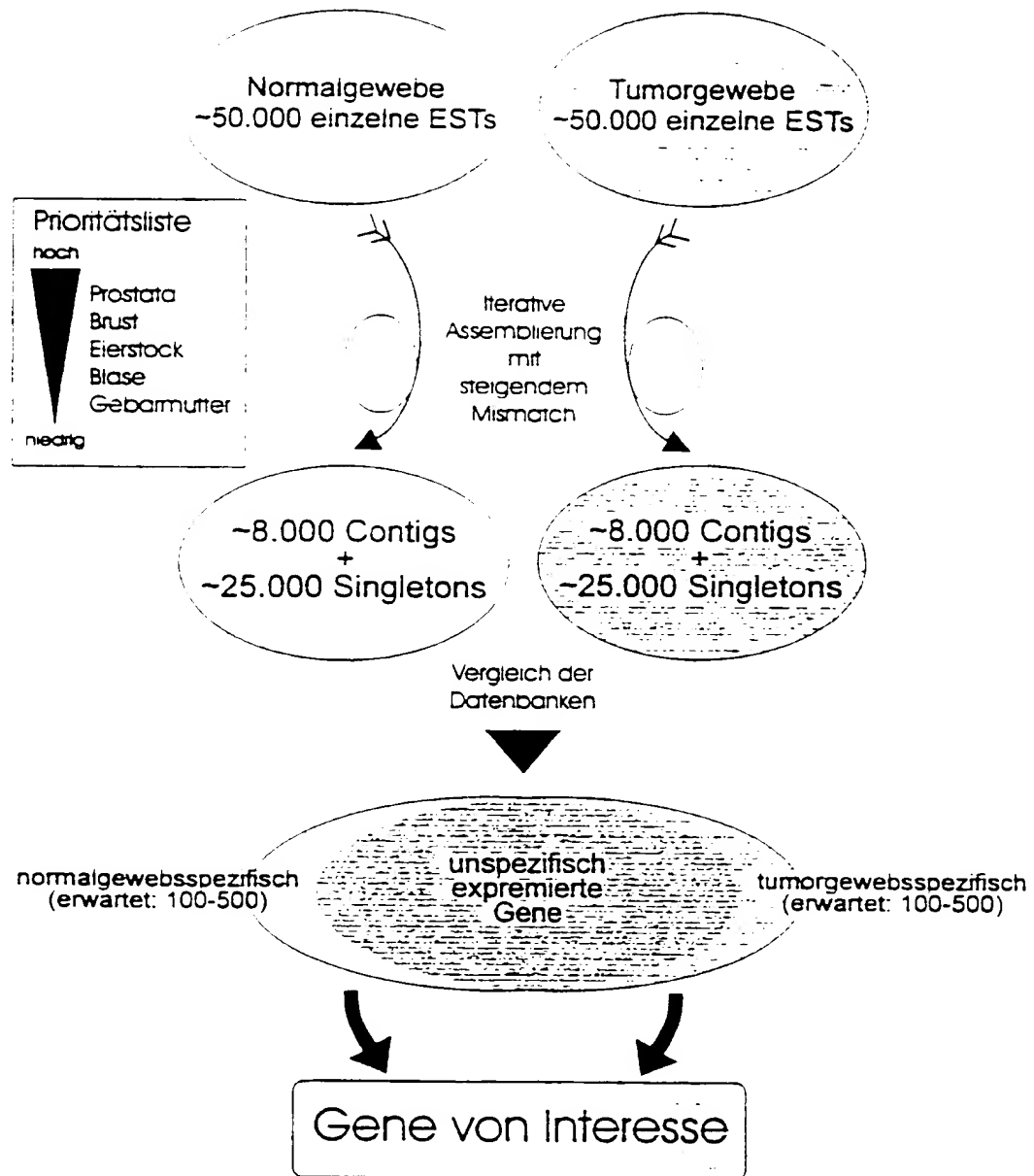


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

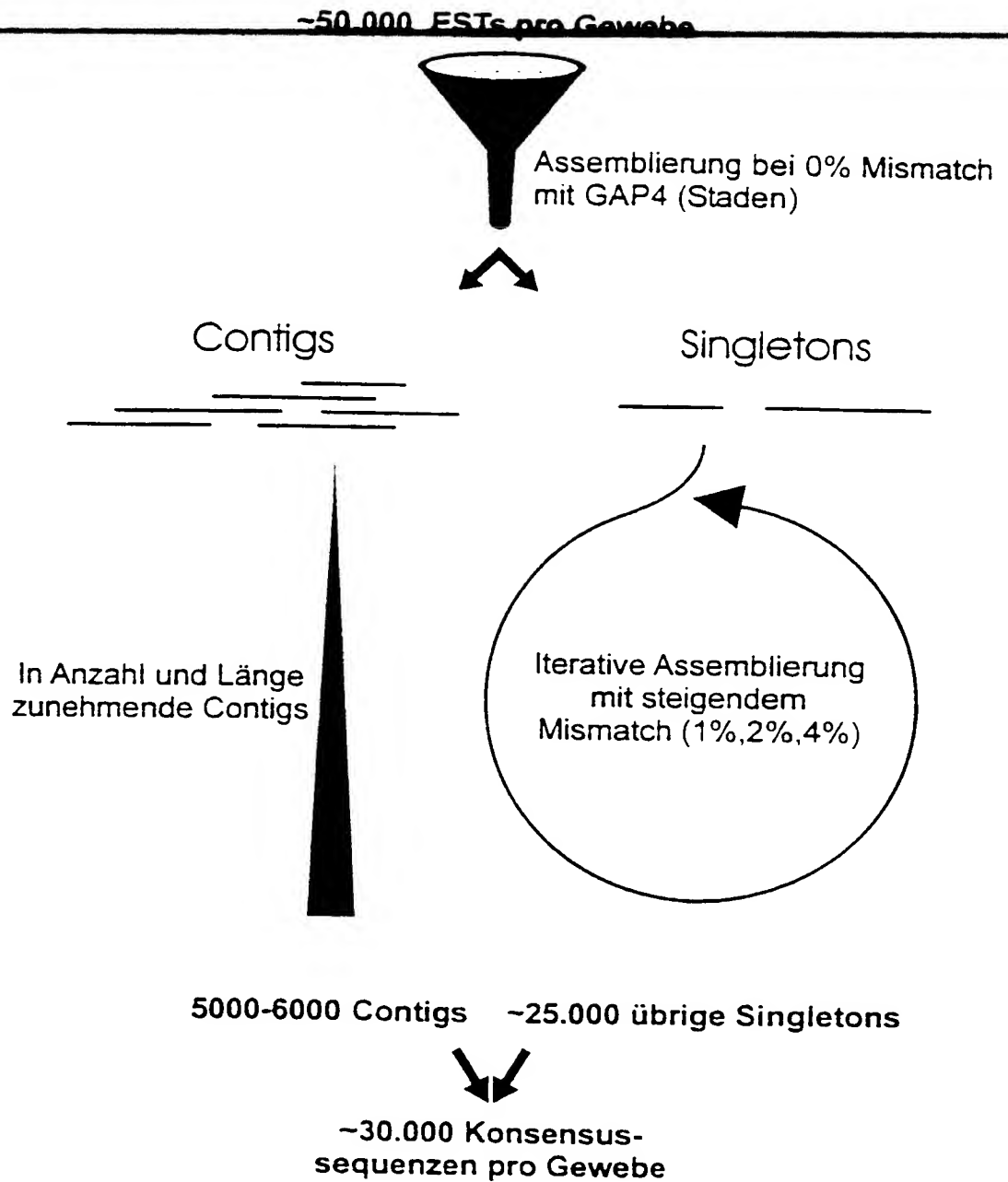


Fig. 2a

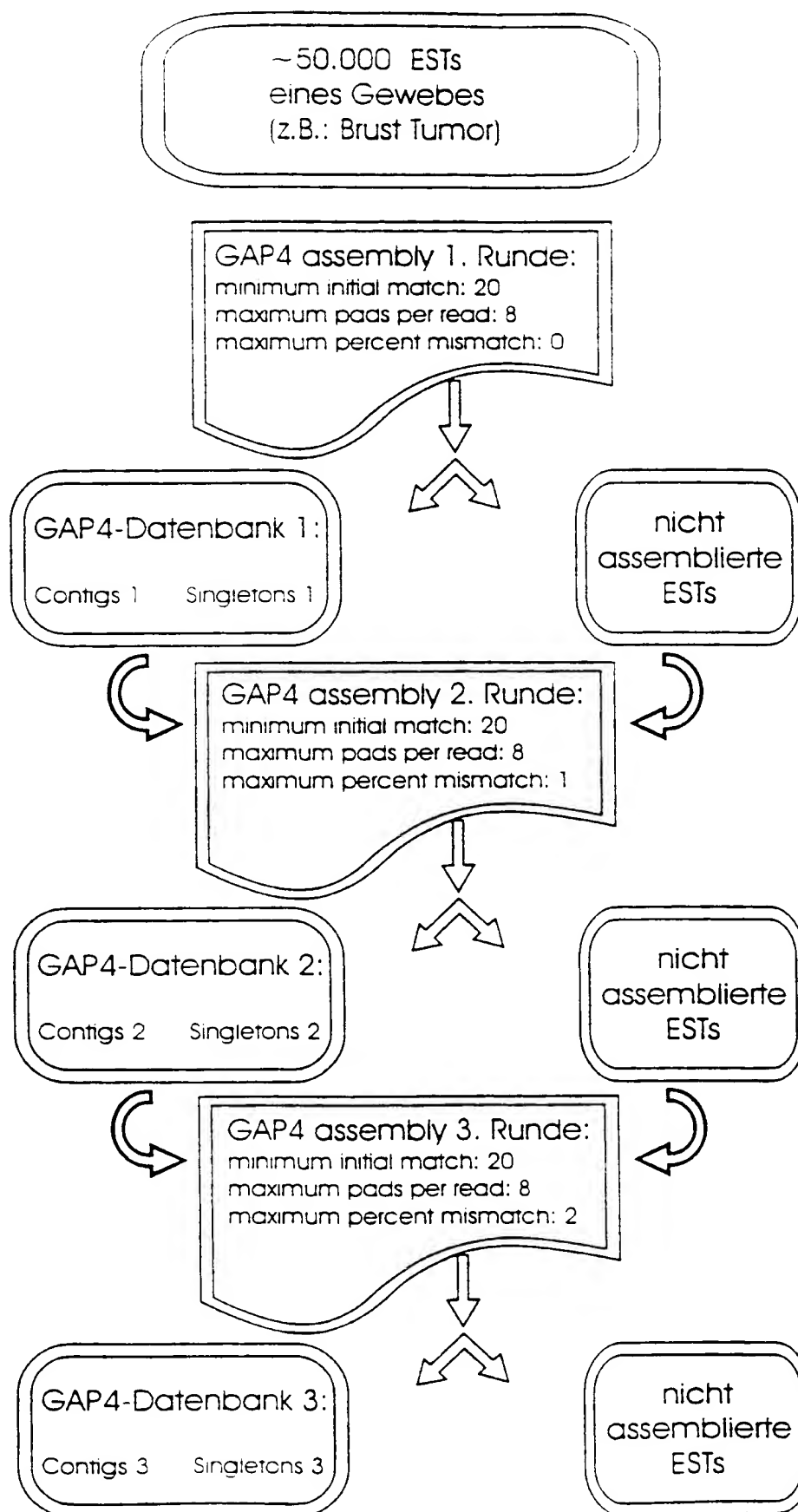


Fig. 2b1

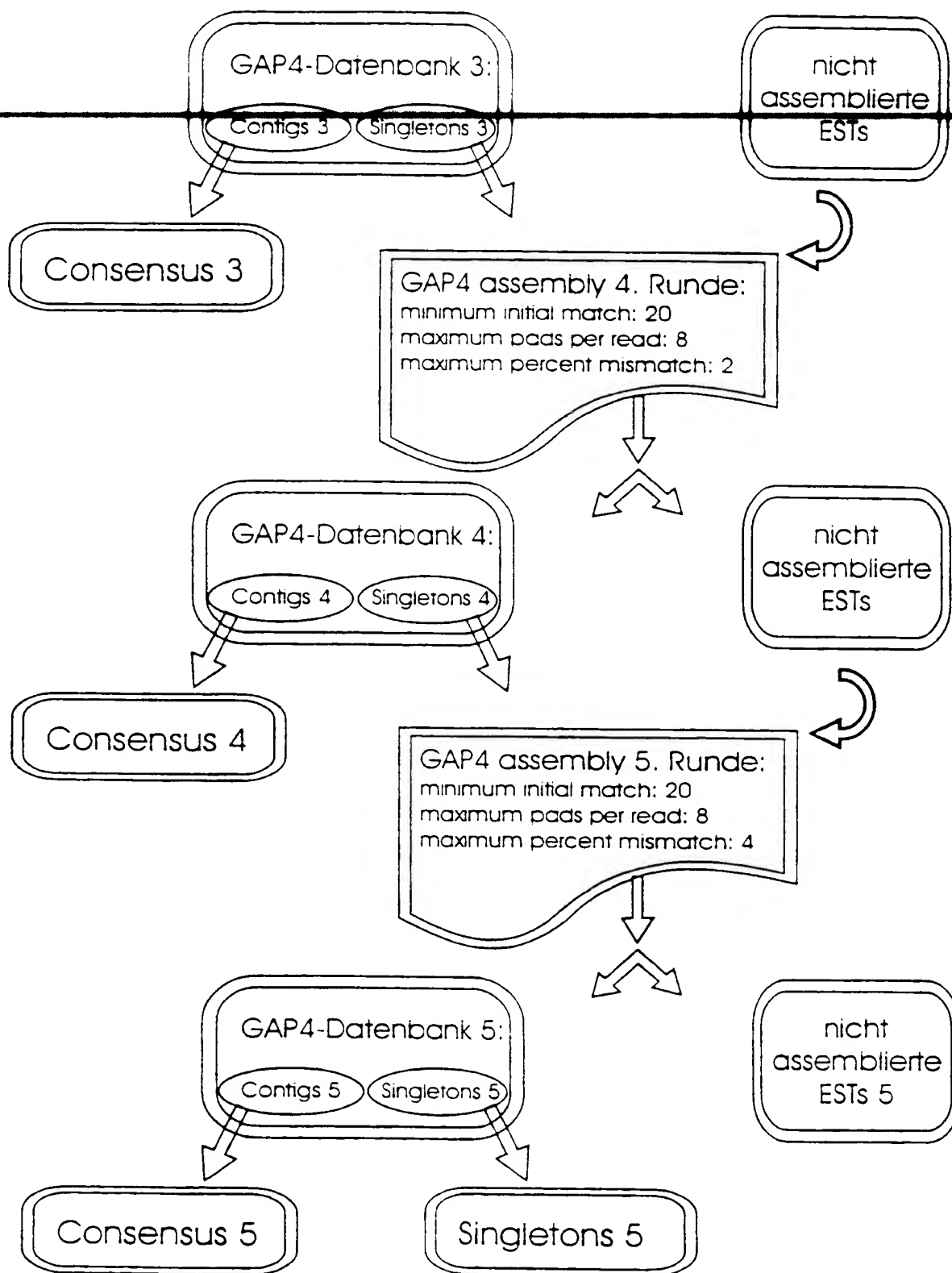


Fig. 2b2

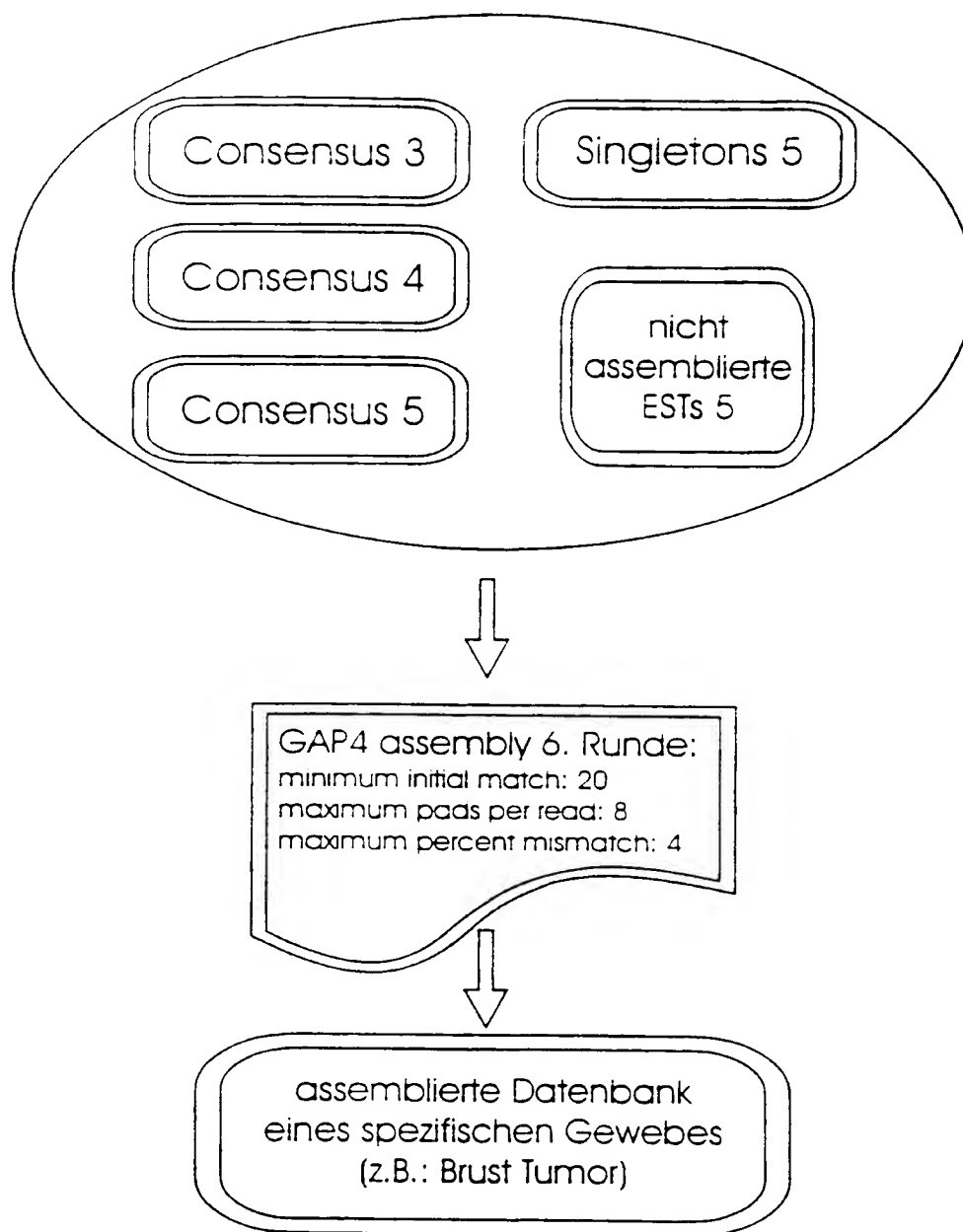


Fig. 2b3

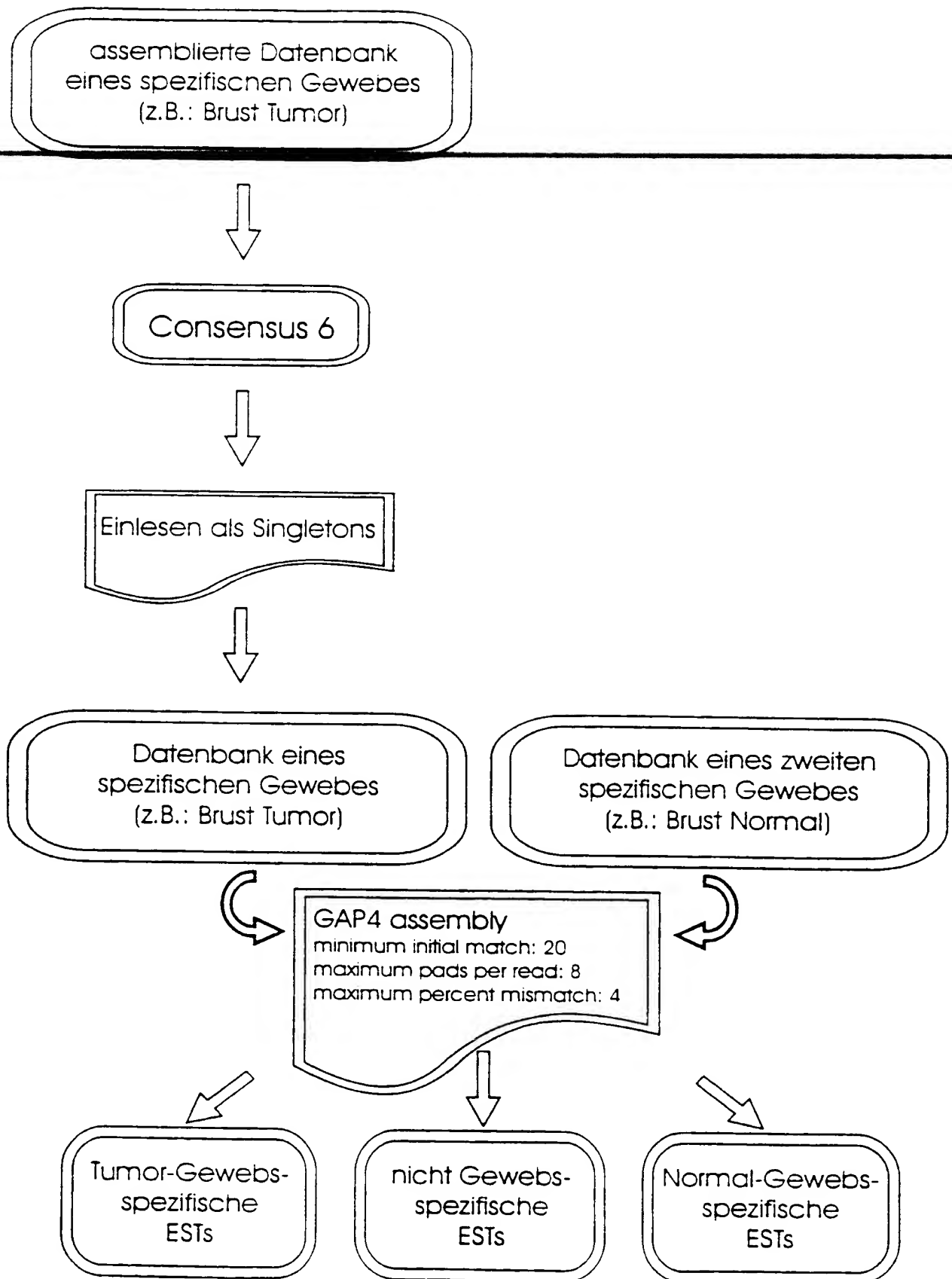


Fig. 2b4



# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

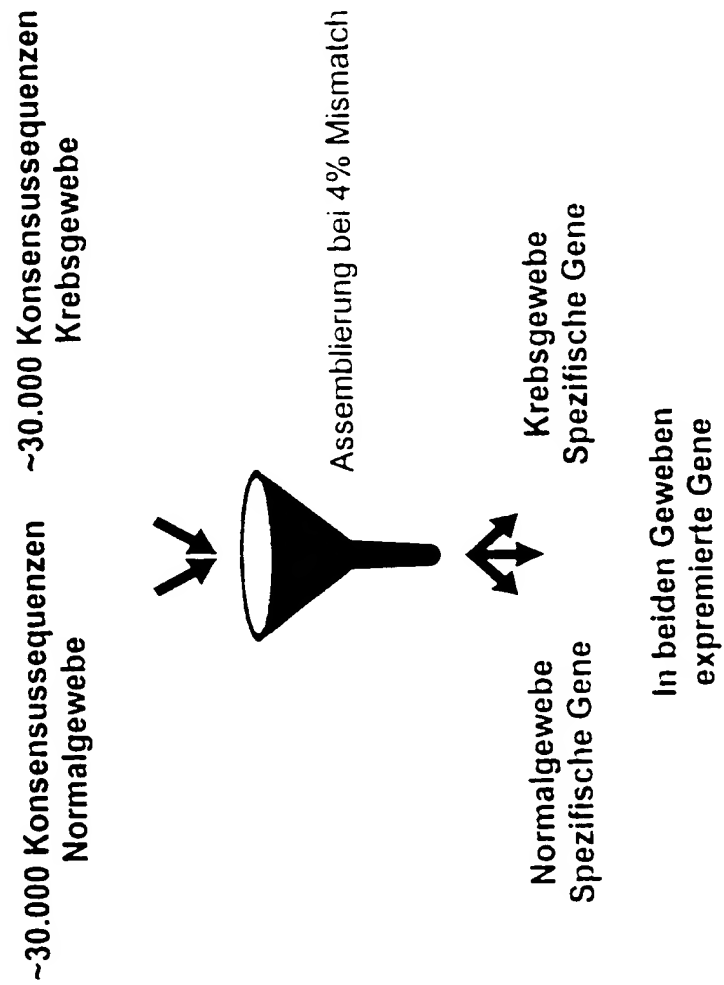


Fig. 3

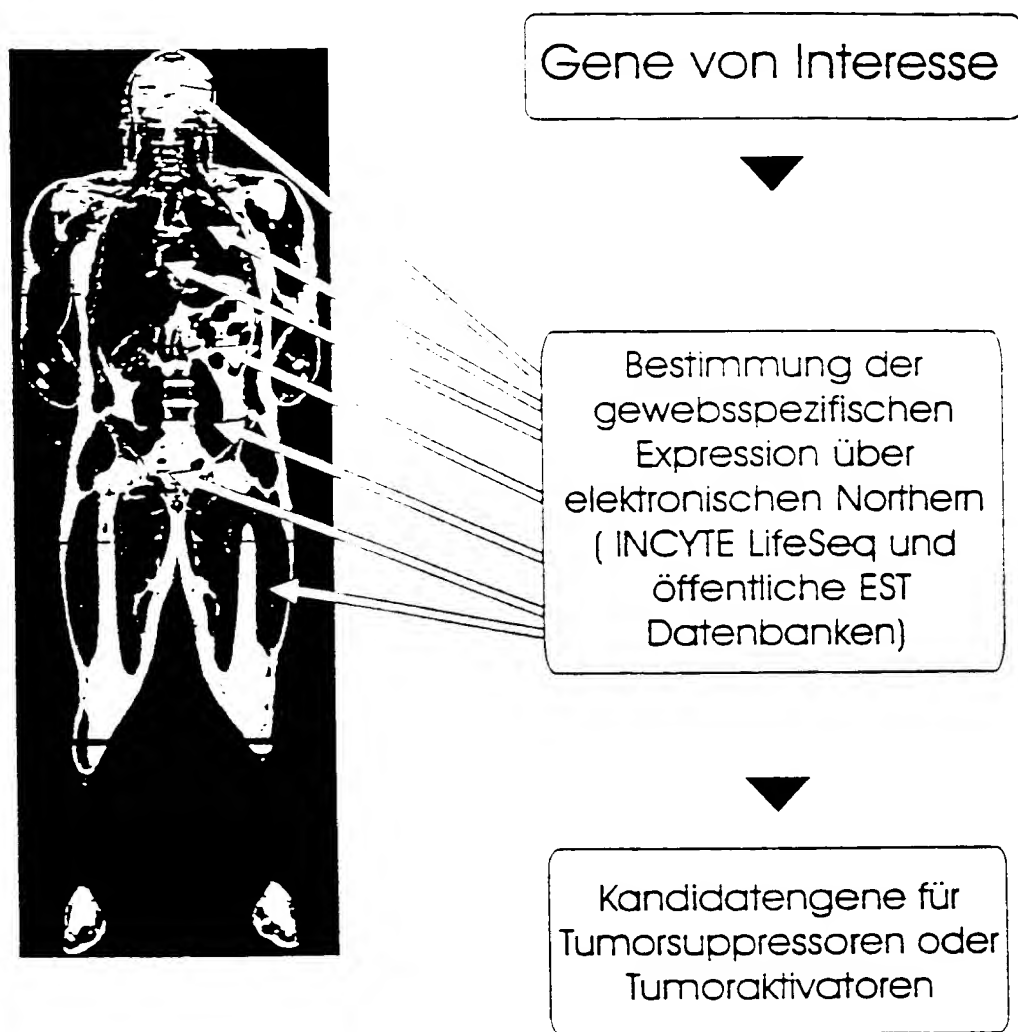


Fig. 4a

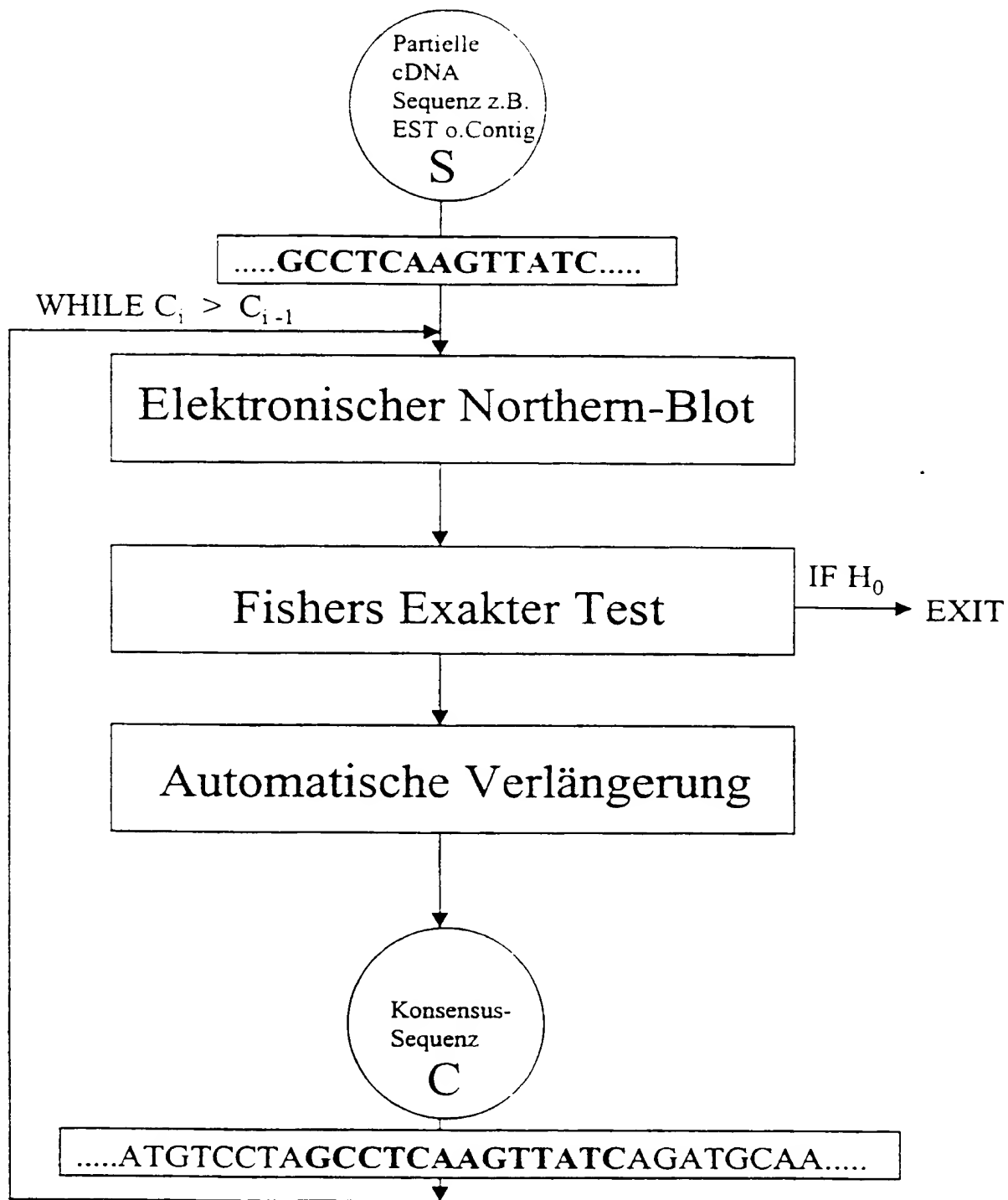


Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

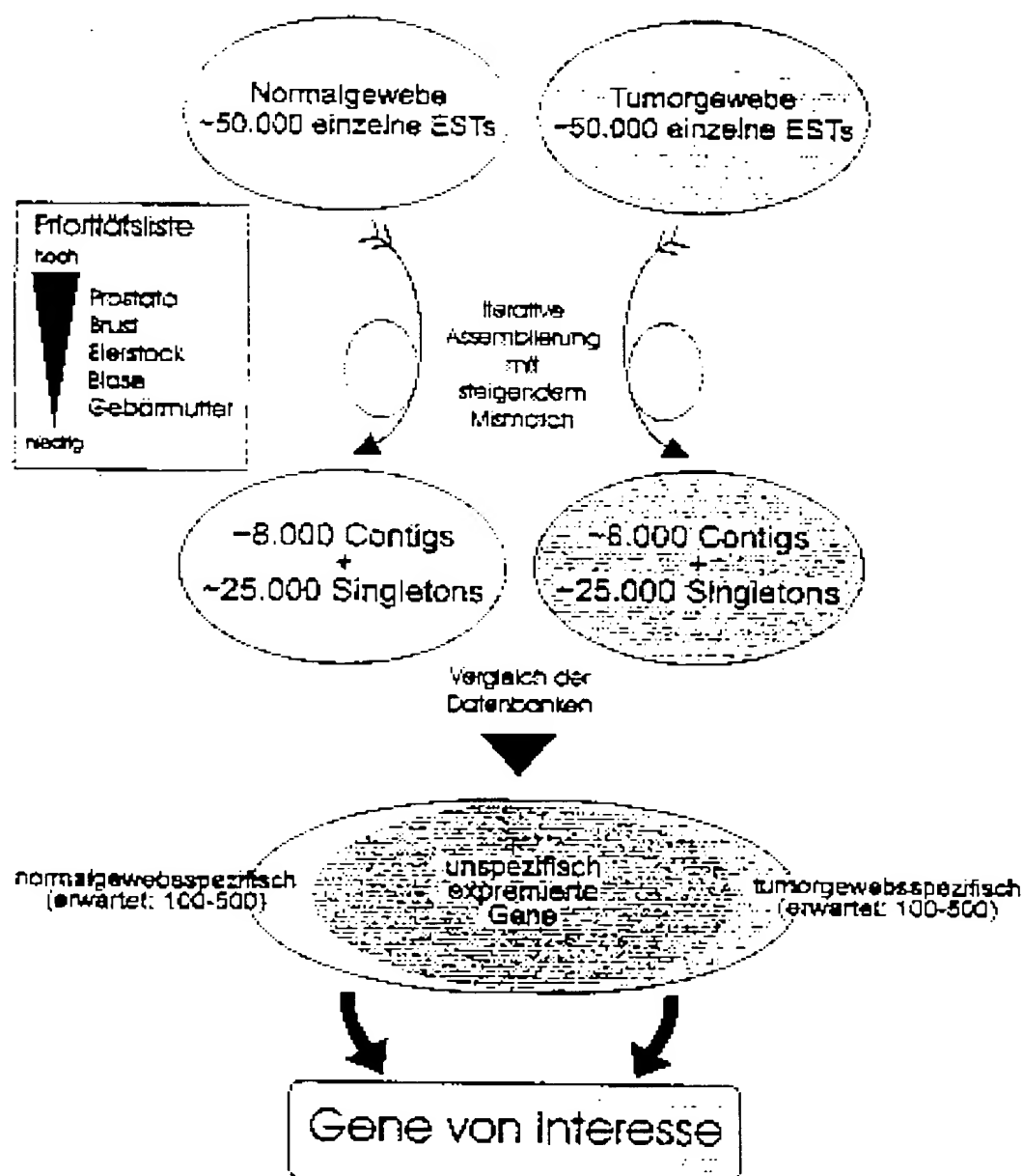


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

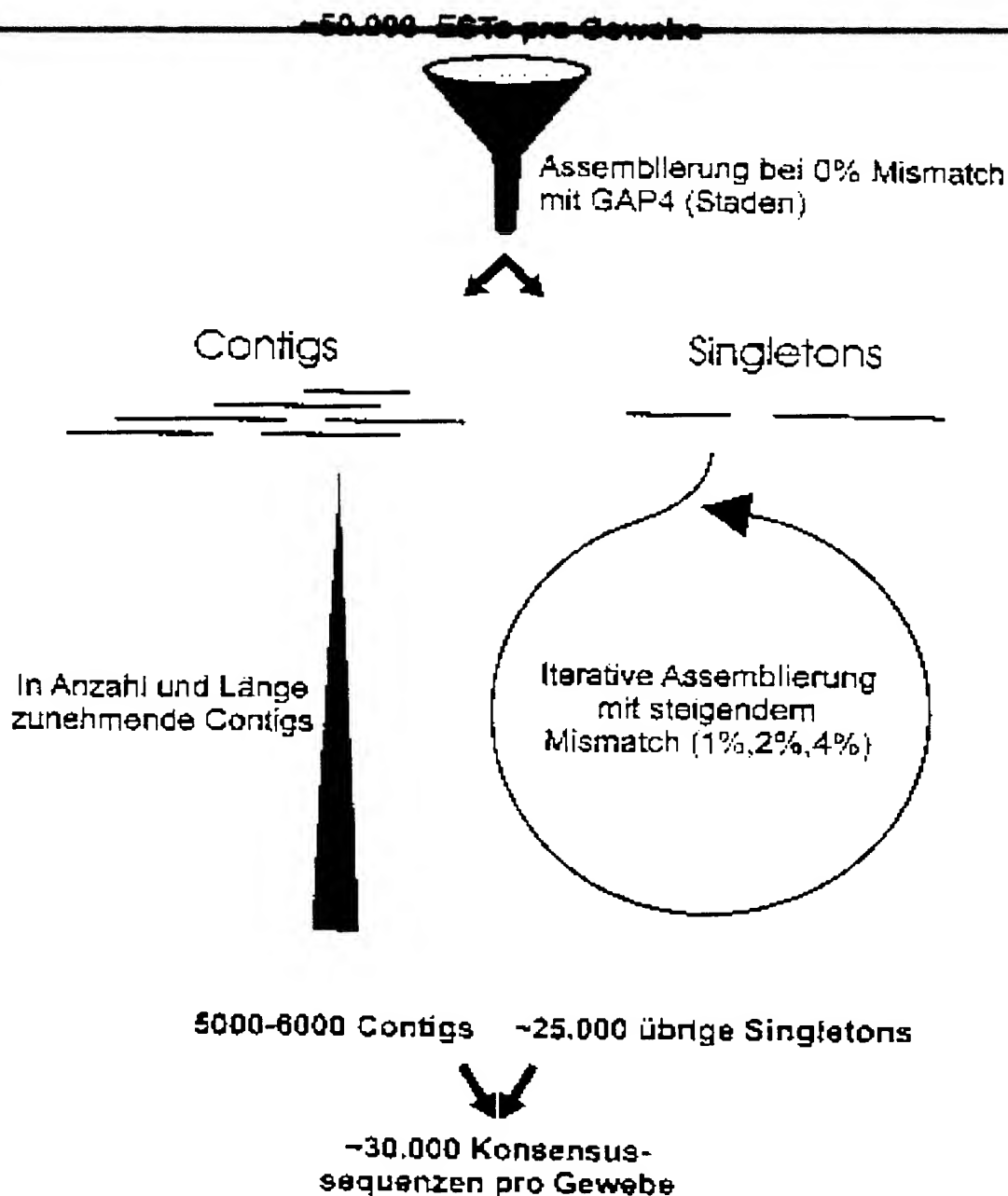


Fig. 2a

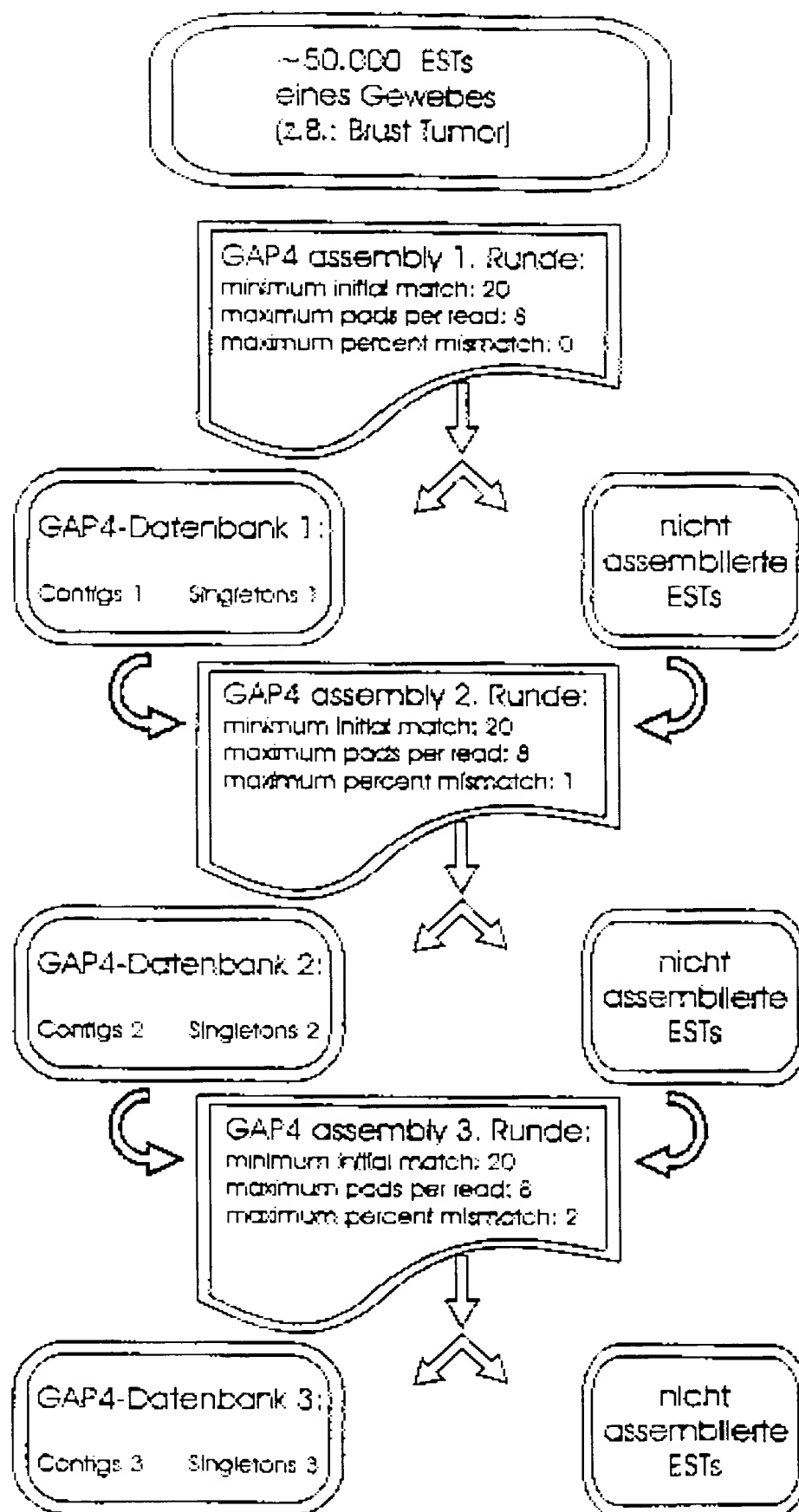


Fig. 2b1

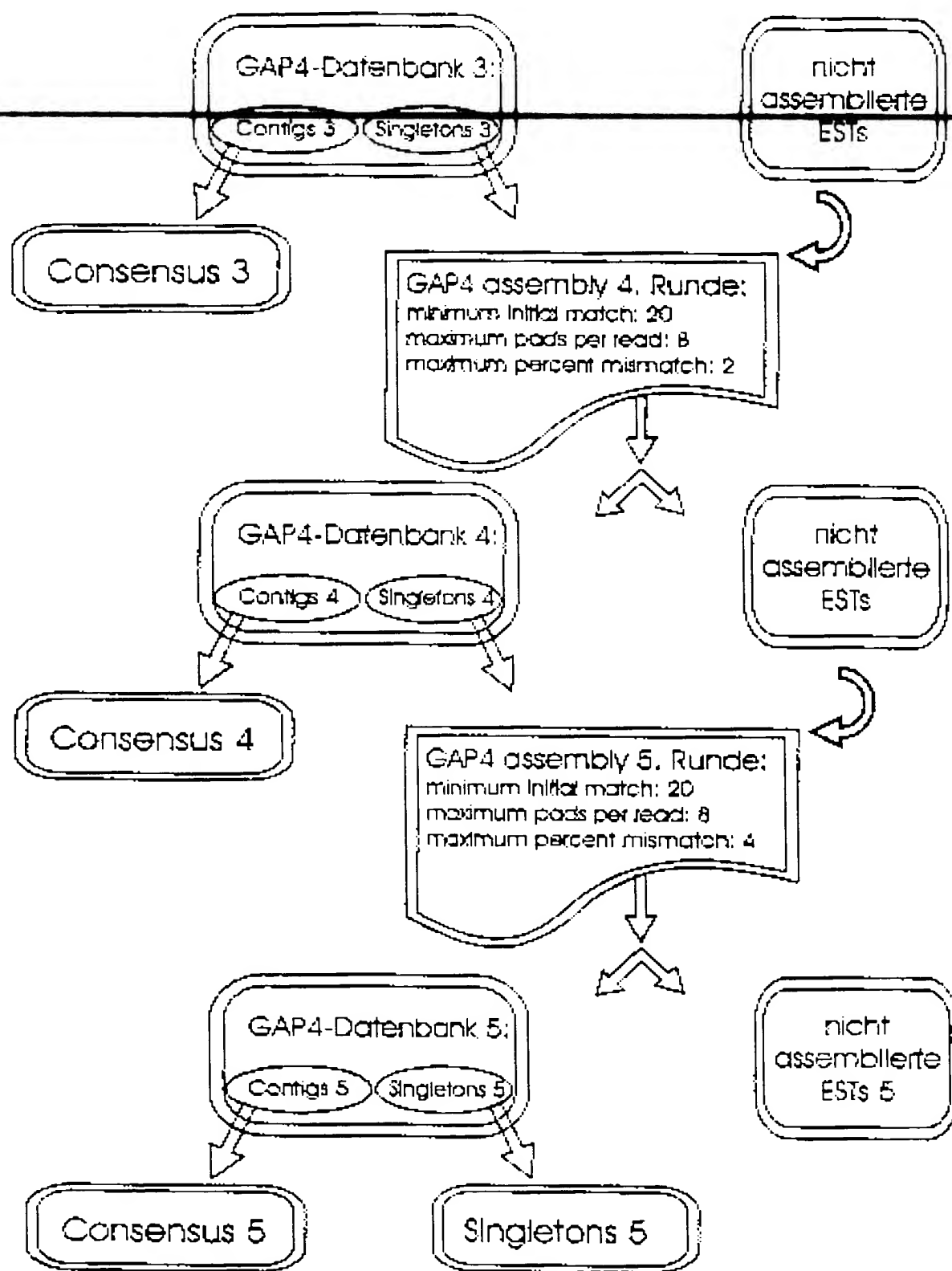


Fig. 2b2



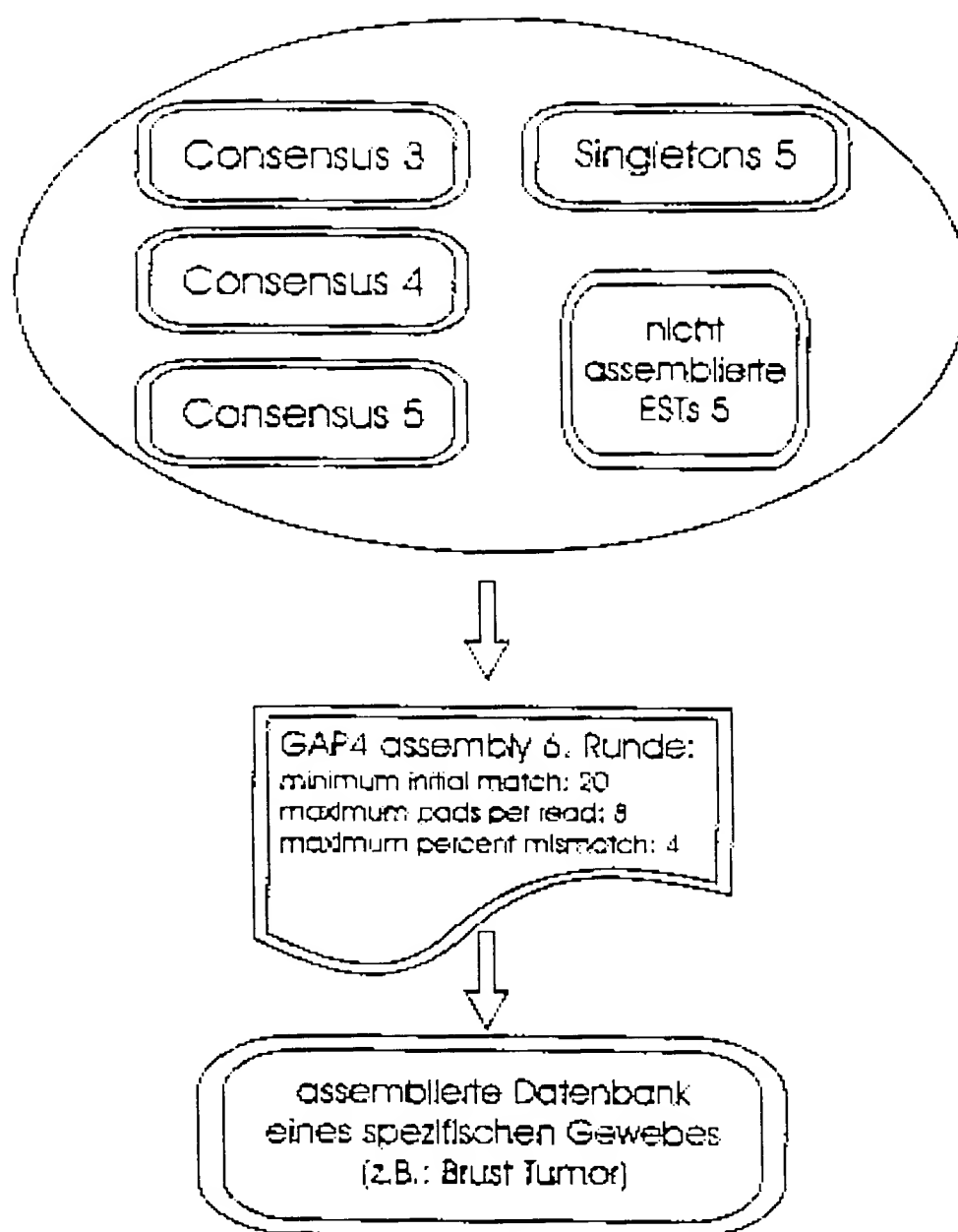


Fig. 2b3

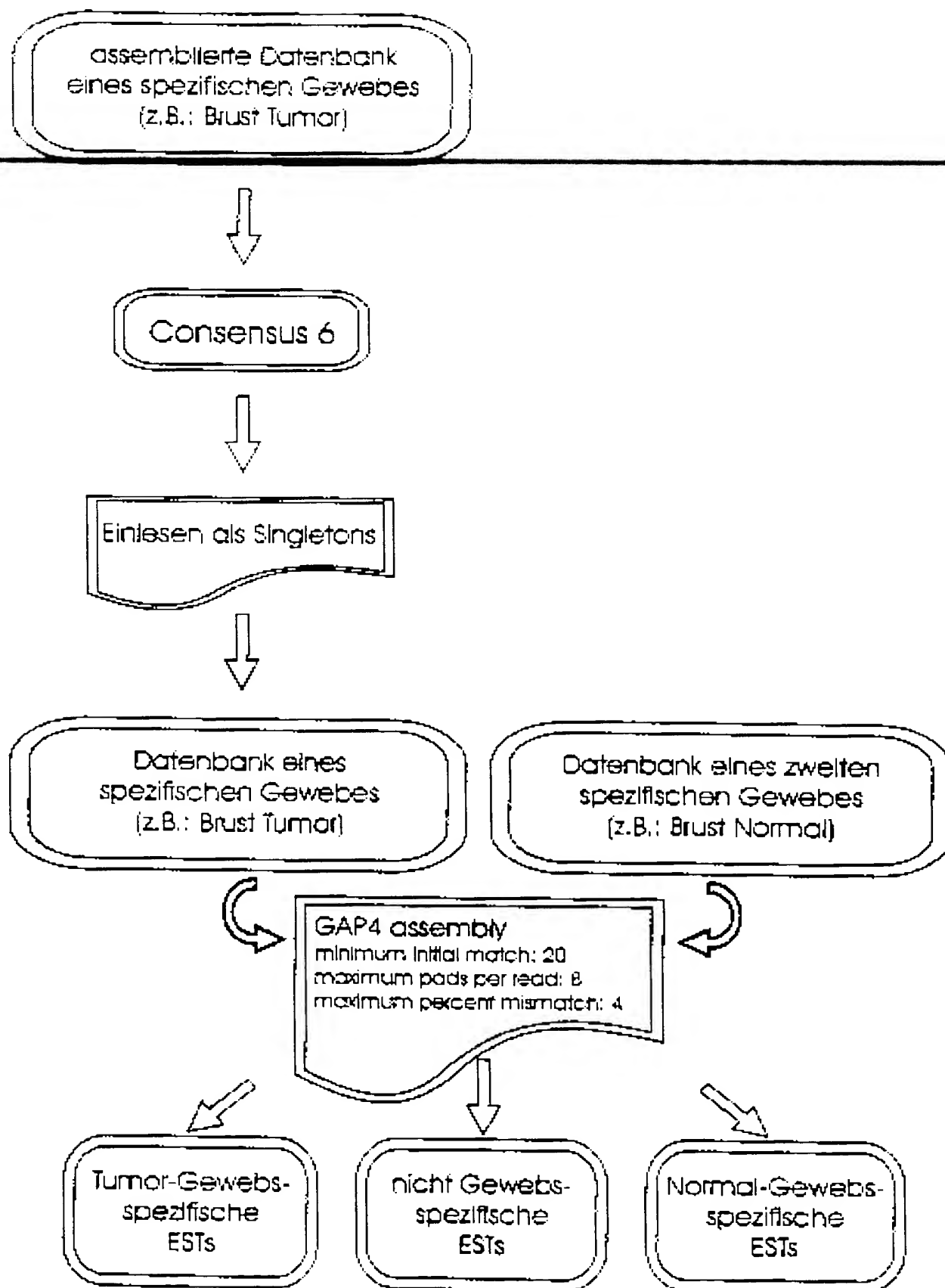


Fig. 2b4

## In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

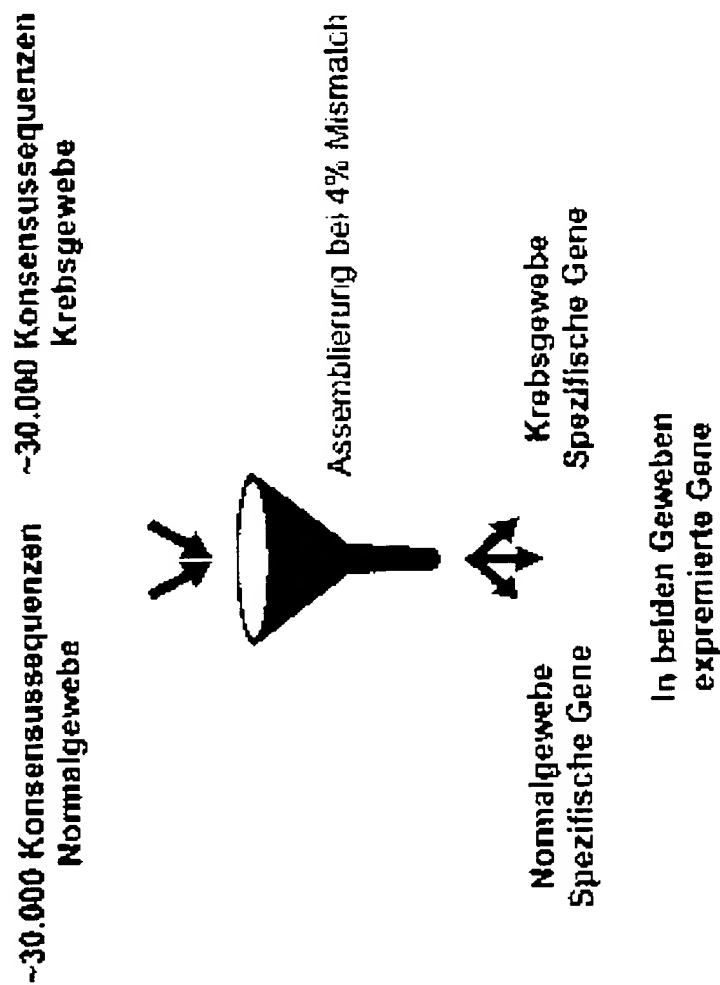


Fig. 3

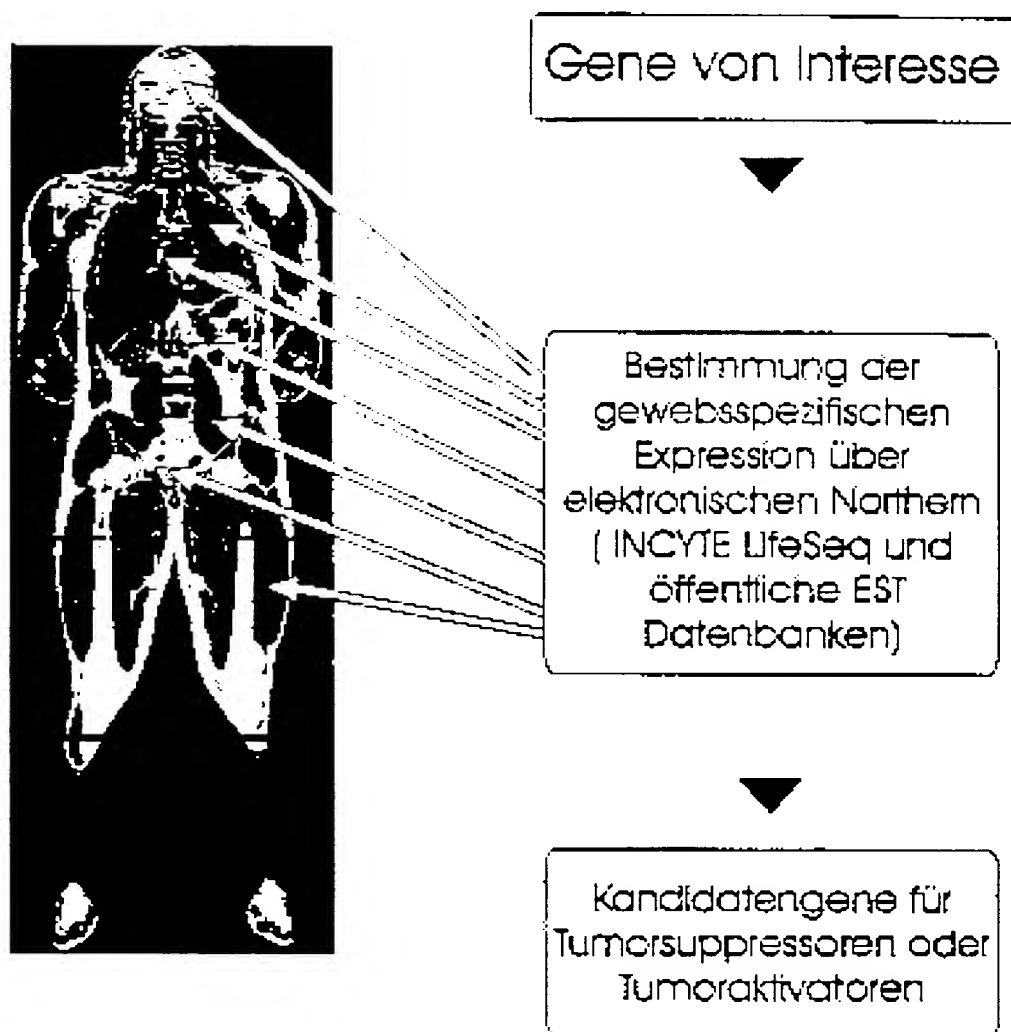


Fig. 4a

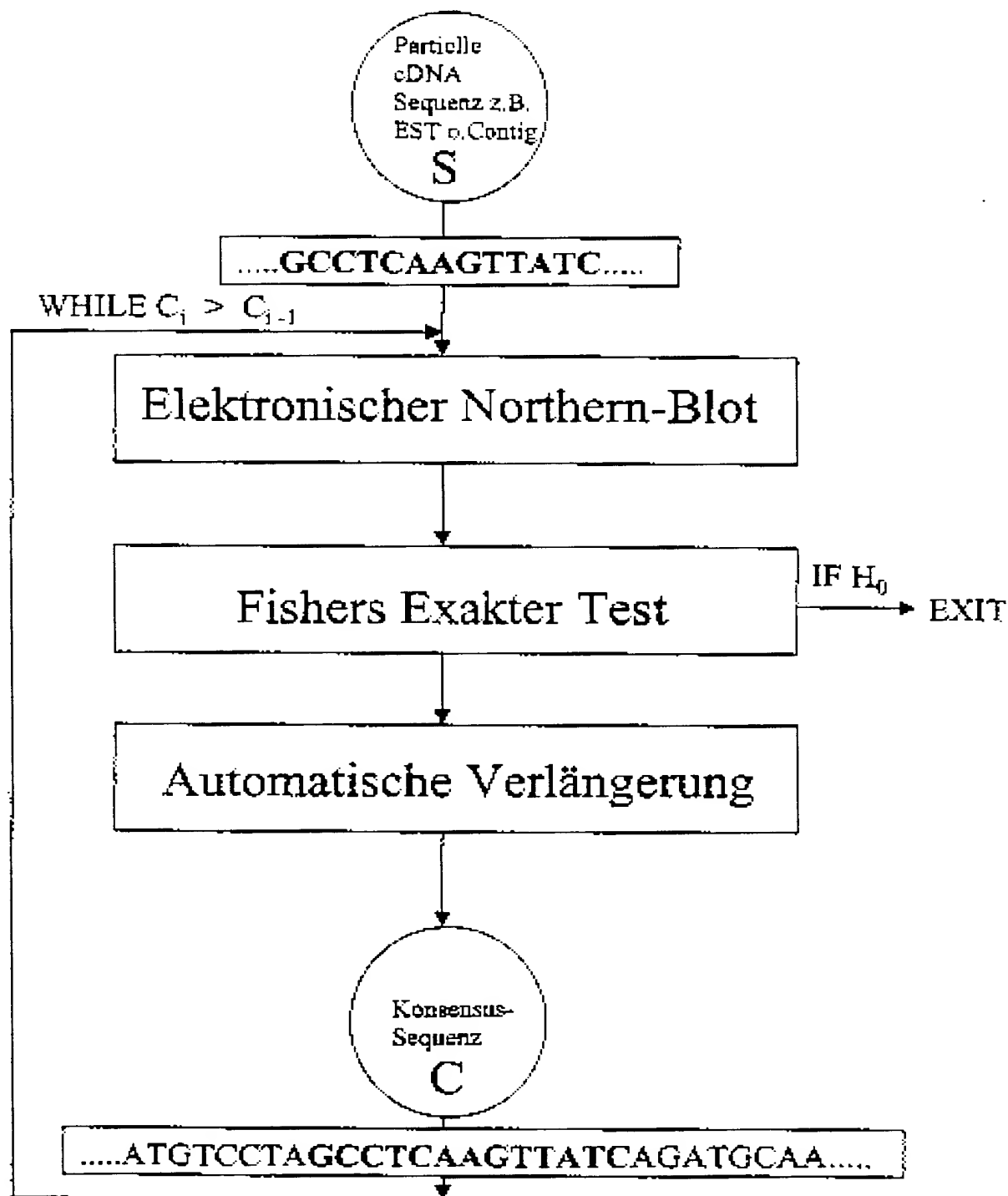


Fig. 4b

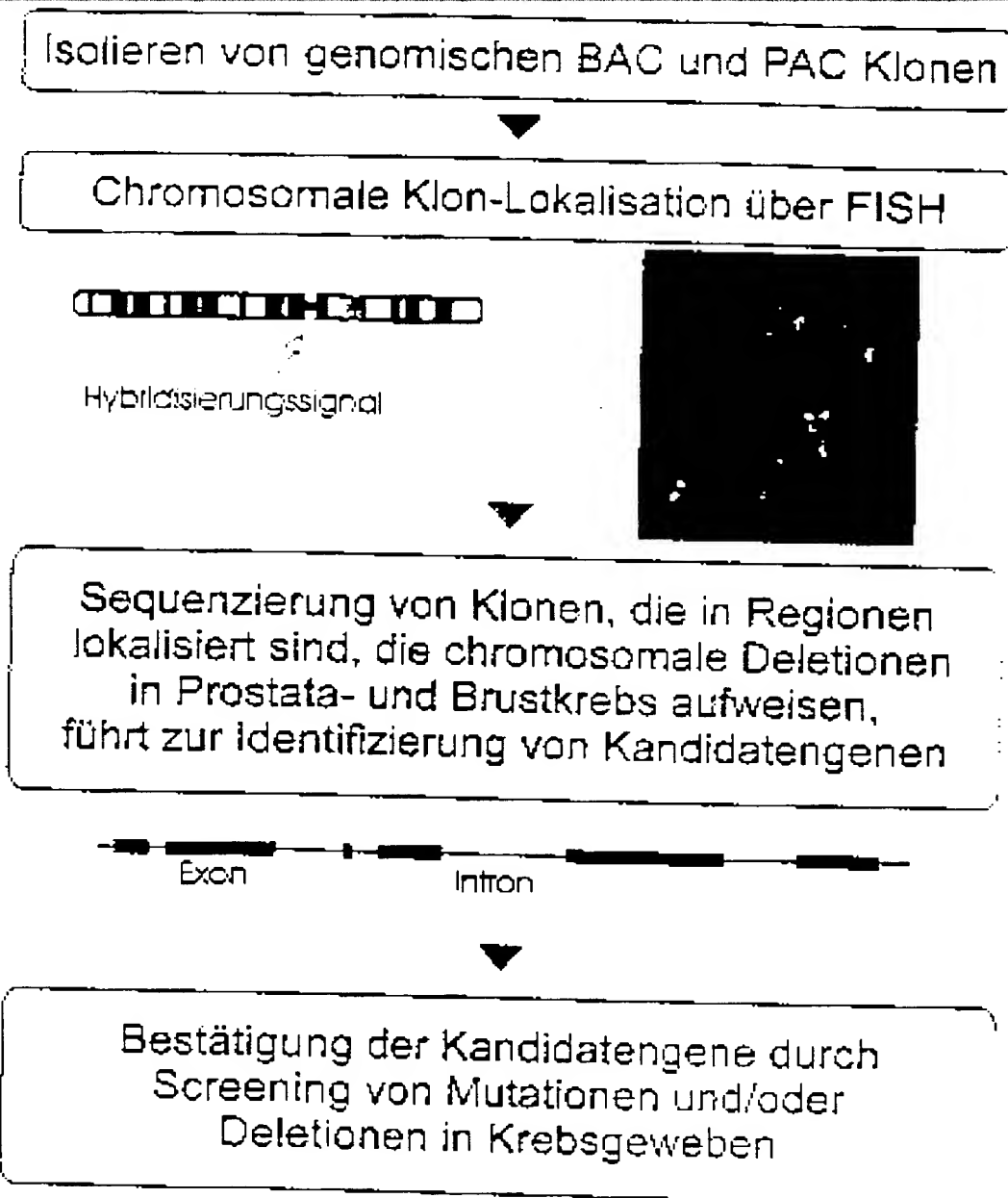


Fig. 5



**PCT**  
WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
Internationales Büro  
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

<p>(51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> : <b>C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, A61K 38/17</b></p>	<b>A3</b>	<p>(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/47669</b></p> <p>(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 23. September 1999 (23.09.99)</p>
<p>(21) Internationales Aktenzeichen: <b>PCT/DE99/00908</b></p> <p>(22) Internationales Anmeldedatum: 19. März 1999 (19.03.99)</p> <p>(30) Prioritätsdaten: 198 13 839.3 20. März 1998 (20.03.98) <b>DE</b></p> <p>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): <b>METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).</b></p> <p>(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): <b>SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).</b></p>		
<p>(81) Bestimmungsstaaten: <b>JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).</b></p> <p><b>Veröffentlicht</b> <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i></p> <p>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 15. Juni 2000 (15.06.00)</p>		

(54) Title: **HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM TISSUE OF BREAST TUMORS**

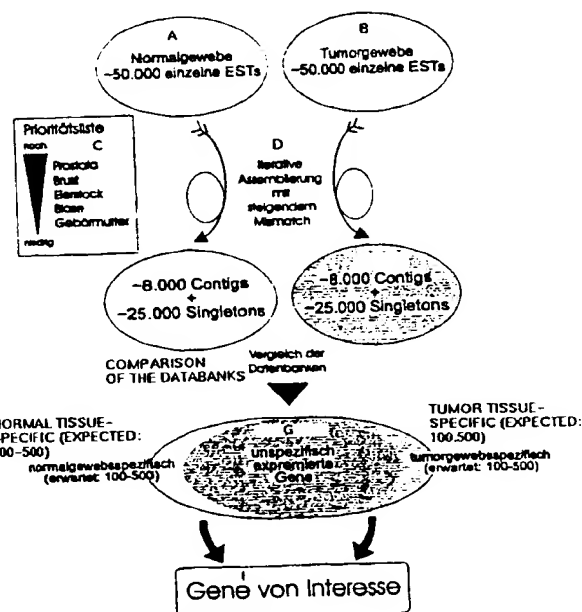
(54) Bezeichnung: **MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS BRUSTTUMORGeweBE**

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences, mRNA, cDNA, genomic sequences, from tissue of breast tumors which code for gene products or parts thereof, and to the use of said nucleic acid sequences. The invention also relates to the polypeptides obtained from the sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Brusttumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.



A... NORMAL TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs  
B... TUMOR TISSUE 50.000 INDIVIDUAL ESTs  
C... PRIORITY LIST  
HIGH  
PROSTATE  
BREAST  
OVARY  
BLADDER  
UTERUS  
LOW  
D... ITERATIVE ASSEMBLING WITH INCREASING MISMATCH  
G... UNSPECIFICALLY EXPRESSED GLNES  
L... GENES OF INTEREST

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						



## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Application No

PCT/DE 99/00908

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER  
IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K A61K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA262637 19. März 1997 NCI-CGAP: "zs16c12.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:685366 5'" XP002126994 the whole document	1,5-10, 23,24
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA156898 18. Januar 1997 HILLIER, L. ET AL.: "z120b08.r1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 502455 5'" XP002126995 the whole document	1,5-10, 36

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.☒ Patent family members are listed in annex.

## \* Special categories of cited documents:

- \*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- \*E\* earlier document but published on or after the international filing date
- \*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- \*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- \*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- \*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- \*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- \*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- \*&\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

11 January 2000

Date of mailing of the international search report

6 April 2000

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Fuchs, U

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internat Application No

PCT/DE 99/00908

## C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No
A	WO 96 38463 A (WASHINGTON UNIVERSITY) 5 December 1996 (1996-12-05)  SEQ ID NOS: 1 and 2 page 30 -page 32 page 26, line 11 -page 29, line 5 page 47; figure 6 page 49; figure 8  ---	1-14, 16-32, 34-36
A	J1, H. ET AL.: "Identification of a Breast Cancer-specific Gene, BCSG1, by Direct Differential cDNA Sequencing" CANCER RESEARCH, vol. 57, no. 4, 15 February 1997 (1997-02-15), pages 759-764, XP002065403 abstract  ---	1-14, 16-32, 34-36
P,X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF131800 15. März 1999 MEI, G. ET AL.: "Homo sapiens clone 24955 mRNA sequence, partial cds" XP002126996 the whole document  ---	1,5-10, 23,24, 32,36
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP002126641 the whole document  -----	1-14, 16-32, 34-36

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/00908

**Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)**

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☒ Claims Nos.: **15 and 33**  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:  
  
**See supplemental sheet Additional Matter PCT/ISA/210**
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:  
**(1-14, 16-32 and 34-36) partly**

**Remark on Protest**

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

Form PCT/ISA/210 (continuation of first sheet (1)) (July 1992)

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No  
PCT/DE 99/00908

## Continuation of Field 1.2

Claims Nos. 15 and 33

Relevant Patent Claim No. 15 relates to a DNA fragment which can be obtained according to Claim No. 14 and which comprises a gene. No search for the DNA fragment laid claim to in Claim No. 15 was carried out since the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure.

Relevant Patent Claim No. 33 relates to an excessively large number of possible products which can be supported by the description under the terms of PCT Article 6 and can be regarded as being disclosed in the patent application under the terms of PCT Article 5. In the case in question, the patent claim lacks the corresponding support and the patent application lacks the necessary disclosure to such a degree that a meaningful search appears to be impossible to conduct with respect to the scope for which protection is sought. For this reason, no search was carried out for the products laid claim to in Claim No. 33.

The applicant is therefore advised that patent claims or sections of patent claims laid to inventions for which no international search report was drafted normally cannot be the subject of an international preliminary examination (PCT Rule 66.1(e)). Similar to the authority entrusted with the task of carrying out the international preliminary examination, the EPO also does not generally carry out a preliminary examination of subject matter for which no search has been conducted. This is also valid in the case when the patent claims have been amended after receipt of the international search report (PCT Article 19), or in the case when the applicant submits new patent claims pursuant to the procedure in accordance with PCT Chapter II.

## 1. Claims Nos. (1-14, 16-32 and 34-36) in part

Nucleic acid sequence relating to SEQ ID NO: 3, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; uses of said nucleic acid sequence and method for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by nucleic acid sequence SEQ ID NO: 3; polypeptide partial sequence relating to SEQ ID NO: 71 (corresponding to Table II) and the uses thereof; medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NO: 71.

## Inventions 2 to 81, Claims Nos. (1-14, 16-32 and 34-36) in part

Nucleic acid sequence successively relating to individual SEQ ID NOS: 2, 4 to 67, 149 to 161, 201, 202, an allelic or complementary variant thereof; BAC, PAC and cosmid clone, expression cassette and host cell containing this sequence; uses of said nucleic acid sequence and method for producing a polypeptide. Antibody directed against a polypeptide or fragment which is coded by nucleic acid sequence SEQ ID NOS: 2, 4-67, 149-161, 201, 202; Polypeptide partial sequences relating to SEQ ID NOS: 72-148, 162-198 (corresponding to Table II) and the uses thereof; medicament containing at least one polypeptide partial sequence SEQ ID NOS: 72-148, 162-198.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

Intern. Application No

PCT/DE 99/00908

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9638463      A	05-12-1996	US 5668267 A	16-09-1997
		AT 190313 T	15-03-2000
		AU 698823 B	05-11-1998
		AU 5961696 A	18-12-1996
		BR 9609270 A	11-05-1999
		CA 2222747 A	05-12-1996
		CZ 9703783 A	17-06-1998
		EP 0833834 A	08-04-1998
		HU 9900873 A	28-07-1999
		JP 11507212 T	29-06-1999
		NO 975508 A	18-03-1998
		PL 323632 A	14-04-1998
		US 6004756 A	21-12-1999
		US 5968754 A	19-10-1999
		US 5855889 A	05-01-1999
		US 5922836 A	13-07-1999
-----			

## A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 A61K38/17

Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C07K A61K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA262637 19. März 1997 NCI-CGAP: "zs16c12.r1 NCI CGAP GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:685366 5'" XP002126994 das ganze Dokument	1,5-10, 23,24
X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMEST25 Eintrag No. AA156898 18. Januar 1997 HILLIER, L. ET AL.: "z120b08.r1 Soares pregnant uterus NbHPU Homo sapiens cDNA clone 502455 5'" XP002126995 das ganze Dokument	1,5-10, 36



Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen



Siehe Anhang Patentfamilie

\* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen

\*A\* Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

\*E\* älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

\*L\* Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

\*O\* Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

\*P\* Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

\*T\* Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

\*X\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderscher Tätigkeit beruhend betrachtet werden

\*Y\* Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderscher Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

\*Z\* Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

11. Januar 2000

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

06. APR. 2000

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2  
NL - 2280 HV Rijswijk  
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

Fuchs, U

## C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 96 38463 A (WASHINGTON UNIVERSITY) 5. Dezember 1996 (1996-12-05)  SEQ ID NOS: 1 and 2 Seite 30 -Seite 32 Seite 26, Zeile 11 -Seite 29, Zeile 5 Seite 47; Abbildung 6 Seite 49; Abbildung 8 ---	1-14, 16-32, 34-36
A	JI, H. ET AL.: "Identification of a Breast Cancer-specific Gene, BCSG1, by Direct Differential cDNA Sequencing" CANCER RESEARCH, Bd. 57, Nr. 4, 15. Februar 1997 (1997-02-15), Seiten 759-764, XP002065403 Zusammenfassung ---	1-14, 16-32, 34-36
P,X	EMBL Datenbank, Heidelberg, DE EMHUM1 Eintrag No. AF131800 15. März 1999 MEI, G. ET AL.: "Homo sapiens clone 24955 mRNA sequence, partial cds" XP002126996 das ganze Dokument ---	1,5-10, 23,24, 32,36
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP002126641 das ganze Dokument -----	1-14, 16-32, 34-36



## Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr. weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☒ Ansprüche Nr. 15 und 33  
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich  
siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210
3. ☐ Ansprüche Nr. weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6 4 a) abgefaßt sind

## Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:  
(1-14, 16-32 und 34-36) teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 15 und 33

Der geltende Patentanspruch 15 bezieht sich auf ein gemäß Anspruch 14 erhältliches DNA-Fragment, welches ein Gen umfasst. Da dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und der Patentanmeldung die nötige Offenbarung fehlen, wurde keine Recherche für das in Anspruch 15 beanspruchte DNA-Fragment ausgeführt.

Der geltende Patentanspruch 33 bezieht sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen und noch im Sinne von Art. 5 PCT als in der Patentanmeldung offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt dem Patentanspruch die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für die in Anspruch 33 beanspruchten Produkte ausgeführt.

Der Anmelder wird darauf hingewiesen, daß Patentansprüche, oder Teile von Patentansprüchen, auf Erfindungen, für die kein internationaler Recherchenbericht erstellt wurde, normalerweise nicht Gegenstand einer internationalen vorläufigen Prüfung sein können (Regel 66.1(e) PCT). In seiner Eigenschaft als mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde wird das EPA also in der Regel keine vorläufige Prüfung für Gegenstände durchführen, zu denen keine Recherche vorliegt. Dies gilt auch für den Fall, daß die Patentansprüche nach Erhalt des internationalen Recherchenberichtes geändert wurden (Art. 19 PCT), oder für den Fall, daß der Anmelder im Zuge des Verfahrens gemäß Kapitel II PCT neue Patentansprüche vorlegt.

## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

## 1. Ansprüche: (1-14, 16-32 und 34-36) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 3, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NO: 3 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenz sich beziehend auf SEQ ID NO: 71 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NO: 71.

## Erfindungen 2 bis 81, Ansprüche: (1-14, 16-32 und 34-36) teilweise

Nukleinsäuresequenz sich sukzessiv beziehend auf die einzelnen SEQ ID NOS: 2, 4 bis 67, 149 bis 161, 201, 202, eine allelische oder komplementäre Variante davon; BAC, PAC und Cosmid-Klone, Expressionskassette, sowie Wirtszelle diese Sequenz enthaltend; Verwendungen besagter Nukleinsäuresequenz und Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids. Antikörper, gerichtet gegen ein Polypeptid oder Fragment, welches von der Nukleinsäuresequenz SEQ ID NOS: 2, 4-67, 149-161, 201, 202 kodiert wird; Polypeptid-Teilsequenzen sich beziehend auf SEQ ID NOS: 72-148, 162-198 (entsprechend Tabelle II) und deren Verwendungen; Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz SEQ ID NOS: 72-148, 162-198.

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Intern: des Aktenzeichen

PCT/DE 99/00908

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9638463 A	05-12-1996	US 5668267 A	16-09-1997
		AT 190313 T	15-03-2000
		AU 698823 B	05-11-1998
		AU 5961696 A	18-12-1996
		BR 9609270 A	11-05-1999
		CA 2222747 A	05-12-1996
		CZ <del>9703703 A</del>	<del>17-06-1998</del>
		EP 0833834 A	08-04-1998
		HU 9900873 A	28-07-1999
		JP 11507212 T	29-06-1999
		NO 975508 A	18-03-1998
		PL 323632 A	14-04-1998
		US 6004756 A	21-12-1999
		US 5968754 A	19-10-1999
		US 5855889 A	05-01-1999
		US 5922836 A	13-07-1999